Povezanost polimorfizma FASN, SCD i GH gena sa sadržajem masti i masnih kiselina u mesu junadi

Pećina, Mateja

Doctoral thesis / Disertacija

2023

Degree Grantor / Ustanova koja je dodijelila akademski / stručni stupanj: **University of Zagreb, Faculty of Agriculture / Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet**

Permanent link / Trajna poveznica: https://urn.nsk.hr/urn:nbn:hr:204:685095

Rights / Prava: In copyright / Zaštićeno autorskim pravom.

Download date / Datum preuzimanja: **2024-07-15**

Repository / Repozitorij:

Repository Faculty of Agriculture University of Zagreb

Sveučilište u Zagrebu

AGRONOMSKI FAKULTET

Mateja Pećina

POVEZANOST POLIMORFIZMA *FASN*, *SCD* I *GH* GENA SA SADRŽAJEM MASTI I MASNIH KISELINA U MESU JUNADI

DOKTORSKI RAD

Zagreb, 2023.

University of Zagreb

FACULTY OF AGRICULTURE

Mateja Pećina

ASSOCIATION OF *FASN*, *SCD* AND *GH* GENE POLYMORPHISM WITH FAT AND FATTY ACID CONTENT IN BEEF MEAT

DOCTORAL THESIS

Zagreb, 2023

Sveučilište u Zagrebu

AGRONOMSKI FAKULTET

Mateja Pećina

POVEZANOST POLIMORFIZMA *FASN*, *SCD* I *GH* GENA SA SADRŽAJEM MASTI I MASNIH KISELINA U MESU JUNADI

DOKTORSKI RAD

Mentor: prof. dr. sc. Ante Ivanković

Zagreb, 2023.

University of Zagreb

FACULTY OF AGRICULTURE

Mateja Pećina

ASSOCIATION OF *FASN*, *SCD* AND *GH* GENE POLYMORPHISM WITH FAT AND FATTY ACID CONTENT IN BEEF MEAT

DOCTORAL THESIS

Supervisor: Prof. Ante Ivanković, PhD

Zagreb, 2023

Bibliografski podaci:

- **Znanstveno područje:** Biotehničke znanosti
- **Znanstveno polje:** Poljoprivreda
- **Znanstvena grana:** Proizvodnja i prerada animalnih proizvoda
- **Institucija:** Sveučilište u Zagrebu Agronomski fakultet, Zavod za specijalno stočarstvo
- **Voditelj doktorskog rada:** Prof. dr. sc. Ante Ivanković
- **Broj stranica:** 100
- **Broj slika:** 9
- **Broj tablica:** 43
- **Broj priloga:** 2
- **Broj literaturnih referenci:** 135
- **Datum obrane doktorskog rada:** 14.04.2023.
- **Sastav povjerenstva za obranu doktorskog rada:**

  1. Prof. dr. sc. Miljenko Konjačić, Sveučilište u Zagrebu Agronomski fakultet
  2. Prof. dr. sc. Jasna Aladrović, Sveučilište u Zagrebu Veterinarski fakultet
  3. Izv. prof. dr. sc. Jelena Ramljak, Sveučilište u Zagrebu Agronomski fakultet

Rad je pohranjen u:

Nacionalnoj i sveučilišnoj knjižnici u Zagrebu, Ulica Hrvatske bratske zajednice 4 p.p. 550, 10 000 Zagreb,

Knjižnici Sveučilište u Zagrebu Agronomskog fakulteta, Svetošimunska cesta 25, 10000 Zagreb.

Tema rada prihvaćena je na 10. redovitoj sjednici Fakultetskog vijeća Sveučilišta u Zagrebu Agronomskog fakulteta, održanoj 10. srpnja 2018., te odobrena na 03. redovitoj sjednici Senata Sveučilišta u Zagrebu, održanoj dana 13. studenog 2018.

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU

AGRONOMSKI FAKULTET

IZJAVA O IZVORNOSTI

Ja, **Mateja Pećina**, izjavljujem da sam samostalno izradila doktorski rad pod naslovom:

POVEZANOST POLIMORFIZMA *FASN*, *SCD* I *GH* GENA SA SADRŽAJEM MASTI I MASNIH KISELINA U MESU JUNADI

Svojim potpisom jamčim:

- da sam jedini autor ovog doktorskog rada;
- da je doktorski rad izvorni rezultat mojeg rada te da se u izradi istoga nisam koristio drugim izvorima osim onih koji su u njemu navedeni;
- da sam upoznat s odredbama Etičkog kodeksa Sveučilišta u Zagrebu (Čl. 19).

Zagreb, 14.04.2023. godine

_____

Potpis doktoranda

Ocjena doktorskog rada

Doktorski rad je obranjen na Agronomskom fakultetu Sveučilišta u Zagrebu 14.04.2023. godine pred povjerenstvom u sastavu:

1. Prof. dr. sc. Miljenko Konjačić, _____
Sveučilište u Zagrebu Agronomski fakultet

2. Prof. dr. sc. Jasna Aladrović, _____
Sveučilište u Zagrebu Veterinarski fakultet

3. Izv. prof. dr. sc. Jelena Ramljak, _____
Sveučilište u Zagrebu Agronomski fakultet

Informacije o mentoru:

Prof. dr. sc. Ante Ivanković

Od 1994. godine djelatnik je Zavoda za specijalno stočarstvo Agronomskog fakulteta Sveučilišta u Zagrebu. Magistarski rad na temu *Uzgoj sivog goveda u Hrvatskoj* obranio je 1997. godine, a disertaciju iz područja molekularne genetike obranio je 2001. godine na Biotehničkom fakultetu Univerze v Ljubljani. U znanstveno nastavno zvanje redovitog profesora u trajnom zvanju izabran je 2016. godine. Znanstveni interes usredotočen mu je na tehnologije uzgoja goveda, proizvodnju mlijeka i goveđeg mesa, etiku korištenja i dobrobit domaćih životinja te posebice očuvanje farmskih animalnih genetskih resursa. Nastavna aktivnost usmjerena ja na edukaciju studenata na programima preddiplomskog, diplomskog i doktorskog studija Sveučilišta u Zagrebu Agronomskog fakulteta. Koordinator je tri predmeta na preddiplomskom, dva predmeta na diplomskom te jednog predmeta na doktorskom studiju. Pod njegovim mentorstvom izrađeno je više od sto dvadeset završnih i diplomskih radova, četiri magisterija, te šest disertacija. Kao autor/koautor objavio je sveučilišne udžbenike "Objekti i oprema u stočarstvu", "Sigurnost hrane", "Očuvanje biološke baštine u stočarstvu", "Konjogojstvo", "Mlijeko kobila i magarica", te priručnik "Jahanje". Sudjelovao je u radu osamdesetak međunarodnih i domaćih znanstvenih konferencija. Godine 2018. obnašao je dužnost predsjednika nacionalnog znanstvenog odbora konferencije *69th Annual Meeting of European Federation of Animal Science*. Vodio je dva nacionalna znanstvena projekta, više razvojnih projekata s gospodarskim subjektima i lokanim upravama, te je sudjelovao u provedbi više prekograničnih međunarodnih projekata. Znanstvene aktivnosti rezultirale su objavom više od stotinu znanstvenih radova od kojih je tridesetak radova objavljeno u međunarodnim časopisima. Kao autor ili koautor objavio je veći broj stručnih radova. Dio je međunarodne znanstvene mreže. Aktivno sudjeluje u radu domaćih i inozemnih strukovnih udruženja (EAAP, ERFP, IDF, DAGENE, HMU, HAD). Član je uredničkih odbora časopisa *Mljekarstvo* i *Stočarstvo*. Od 2004. godine obnaša funkciju nacionalnog koordinatora za očuvanje animalnih genetskih resursa pri FAO (*Food and Agriculture Organization*). Godine 2000. dodijeljena mu je "Godišnja državna nagrada za znanost".

Zahvala

Nema sumnje da je ova doktorsko putovanje bilo teško, međutim neki ljudi učinili su ovo putovanje boljim, interesantnijim, zanimljivim, nasmijanim i veselijim i zaista vam se želim zahvaliti od srca.

Zahvaljujem se mentoru, prof. Ivankoviću na nesebičnoj pomoći i konstantnom dijeljenju svojeg vremena u svim dijelovima mojeg doktorskog putovanja. Hvala Vam što ste mi prvenstveno omogućili da budem Vaš asistent, vodili me kroz sve faze doktorata, imali otvoren ured za svako moje pitanje, problem, nedoumicu, negativni laboratorijski rezultat te suputnik u obradi rezultata, stranim i domaćim konferencijama i mnogim terenskim nastavama.

Zahvaljujem se i prof. Konjačiću, na nesebičnim savjetima, pomoći, idejama i zajedničkim trenucima koje smo provodili na starom i novom zavodu tokom mojeg putovanja.

Zahvaljujem se i izv. prof. Ramljak koja je uvijek imala otvorena vrata kada sam tek krenula sa laboratorijskim radom, nesebično mi davala savjete, ideje ali i svoje slobodno vrijeme koje se znalo pred kraj pisanja doktorata protezati i u kasne noćne sate.

Veliko hvala izv. prof. Kelavi Ugarković koja mi je i dalje najdraža „stara zavodska“ susjeda. Hvala na milijun tvojih savjeta, bodrenja, ručaka u menzi i šetnji nakon posla.

Veliko hvala i mojim „senzoričarima“; izv. prof. Kosu, izv. prof. Vnučecu, izv. prof. Bedekoviću, prof. Kišu, i zlatnim curama, izv. prof. Dolenčić Špehar, izv. prof. Tudor Kalit i doc. Bendelji Ljoljić koji su bili tu da me opuste nakon posla, onako kako samo to oni znaju.

Hvala i mojim curama sa različitih zavoda, Tajani i Ivi, ali i dečkima, Toniju i Bruni na bezbrojnim kavama, šetnji po Maksimiru, korisnim znanstvenim savjetima i hrpi smijeha tokom studiranja ali i pomoći oko mentalnih dilema jer kada sam mislila da sam došla pred zid, Vi ste mi svaki put pokazali gdje se trebam popeti i preskočiti ga i zbog toga sam Vam neizmjerno zahvalna.

Hvala Gabrijelu, Pavi i vječno nasmijanoj-energičnoj-pozitivnoj Katarini što ste mi bili fenomenalna ekipa u Dubrovniku i što se nismo raspali kao neki bend nakon povratka u stvarnost već ste tu bili sa mnom u završnim trenucima moga doktorskog putovanja. Evo i sad ste sa mnom na obrani. Neću Vas drugačije gledati zbog titule kako se neki vole našaliti oko toga nego idemo u nove pobjede/izlete/putovanja zajedno.

Ivo, hvala i tebi koji si uvijek bio uz mene kada se trebalo malo i odmoriti od posla, pogotovo ljeti kada smo harali po festivalima. Zbilja ti hvala što si zbog mene došao do Zagreba, neću ti to zaboraviti.

Marta, ti si mi na kraju, moja kozmička sestra, hvala ti za svaku poruku, poziv, smijeh, savjet koji sam tražila od tebe i uvijek dobila. Dvostruko.

Na kraju, hvala mojoj obitelji. Mami, tati, bratu, bakama i Kanu. Krenuli ste sa mnom na ovo putovanje i bodrili me kada sam ja mislila da u nekim trenucima nema više smisla. Pokazali ste mi od malena da kada me se dovoljno dugo gura da mogu ostvariti velike ciljeve. Znam da bi moji djedovi htjele da se danas zabavimo, pa ćemo tako u čast njima to i odraditi. Vidjeli su me kao doktoricu dok je meni to još bilo nedostižno, mislim da su sada više nego ponosni.

Ovaj rad posvećujem njima.

Sažetak

Kakvoća i hranjiva vrijednost goveđeg mesa u značajnoj su mjeri određene sadržajem masti u trupu i mesu te udjelom zasićenih i nezasićenih masnih kiselina u masnom tkivu. Dosadašnja istraživanja u značajnoj su mjeri usredotočena na utvrđivanje učinaka negenetskih (hranidbe, smještaja) i genetskih čimbenika na odlike fenotipa goveda u proizvodnji mesa, uključujući i kakvoću mesa koja je značajno determinirana sadržajem i strukturom masnog tkiva. Sadržaj masnih kiselina u mesu pobuđuje interes potrošača radi određenih potencijalnih zdravstvenih učinaka te uvjetovanih senzornih učinaka. Nedavna istraživanja pretpostavila su više potencijalnih gena koji utječu na odlaganje i metabolizam masti. Mogućnost neposrednog djelovanja na kakvoću goveđeg mesa protežiranjem poželjnih alelnih varijanti kandidat gena poticaj je predmetnom istraživanju. Cilj rada bio je utvrditi povezanost polimorfizma *FASN, SCD* i *GH* gena sa sadržajem masti i masnih kiselina u mesu junadi. Istraživanje je provedeno na 104 jedinke različitih genotipova (križanci Holstein pasmine s bikovima četiriju mesnih pasmina, Belgian Blue, Piemontese, Limousin i Simmental; te junad čistokrvnih pasmina Simmental, Hereford i Charolais pasmine). Junice su klane u dobi od 14 do 15 mjeseci, muška junad u dobi od 19 do 20 mjeseci. Nakon klaoničke obrade trupova izvršena je ocjena konformacije i prekrivenost masnim tkivom, a između 12. i 13. rebra izmjerena je debljina supkutanog masnog tkiva i uzet uzorak MLD-a u svrhu određivanja sadržaja masnih kiselina. Izolacija genomske DNA obavljena je GenELute Blood Genomic DNA kitom, a nakon PCR umnažanja kodogene sekvence, detekcija alelnih varijanti *FASN*, *SCD* i *GH* gena učinjena neposredno na gelu nakon cijepanja fragmenta restrikcijskim endonukleazama. Različitosti u EUROP ocjeni zamašćenosti utvrđene su između *GH*-CG genotipa u odnosu na *GH*-CC/GG (p=0,029), dok je sadržaj masnog i vezivnog tkiva *SCD*-CT gena imao veću vrijednost u odnosu na *SCD*-TT/CC (p=0,044). Značajni utjecaj alelnog polimorfizma *FASN* gena utvrđen je na sadržaj C24:1 n-9 i C22:2 n-6 masnih kiselina, sadržaj SFA te odnos ω-6/ω-3 masnih kiselina. Zapažen je značajan utjecaj polimorfizma *SCD* gena na sadržaj C15:0, C17:0, C18:2 n-6 i C18:3 n-3 masnih kiselina te na zbirne udijele SFA. Polimorfizam *GH* gena značajno je utjecao na sadržaj C16:0 i C20:1 n-9 masnih kiselina te omjer ω-6/ω-3 masnih kiselina. Istraživanjem je potvrđen određeni utjecaj polimorfizma *FASN*, *SCD* i *GH* gena na sadržaj i zbirne udjele manjeg broja masnih kiselina. Utvrđeni učinci alelnih varijanti *FASN*, *SCD* i *GH* gena podloga su za nastavak istraživanja na većem broju jedinki i drugim genotipovima goveda uključenim u proizvodnju goveđeg mesa.

Ključne riječi: polimorfizam, *FASN*, *SCD*, *GH*, goveđe meso, masno tkivo, masne kiseline

Extended summary

Beef meat is generally considered a valuable source of nutrients. The quality and nutritional value of beef is determined by the fat content and the content of fatty acids. Beef is a source of desirable omega-3 and omega-6 polyunsaturated fatty acids. Since the quality of the meat and the content of the beef carcass are influenced by genetic and environmental factors, numerous studies have been conducted with the aim of changing and improving the content of fatty acids. Conducted genetic research has hypothesized several potential genes that affect fat storage and metabolism. The aim of the work was to determine the association of *FASN*, *SCD* and *GH* gene polymorphisms with the content of fat and fatty acids in beef. The research was conducted on 104 individuals. For the purposes of the research, Holstein cows were crossed with bulls of four beef breeds (Belgian Blue, Piemontese, Limousin and Simmental), while Simmental, Hereford and Charolais were selected from purebred breeds. The heifers were slaughtered at the age of 14 to 15 months and the bulls at the age of 19 to 20 months. At 24-hour *post-mortem* processing of the carcasses, conformation and fat coverage was evaluated. The subcutaneous fat tissue thickness was measured with a calliper over the *m. longissimus dorsi* over the 12^{th} and 13^{th} rib at a point three-fourths of the length of the ribeye from the split chine bone. Approximately 20 g of subcutaneous fat tissue was taken to determine subcutaneous fatty acid composition and total lipids, while 100 g of MLD for the total fatty acid composition. Extraction of DNA was carried out from blood using Blood Genomic DNA kit. Detection of the *FASN, SCD* and *GH* polymorphism included PCR amplification and subsequent digestion at 37 °C for 4 hours using *MscI, Fnu4HI* and *AluI* restriction endonuclease, respectively. The allele and genotype frequencies were determined, while statistical analysis was performed by general linear model.

No significant effect on carcass fat was observed among *FASN* genotypes. The *FASN*-AA genotype had the lowest EUROP fat grade, subcutaneous adipose tissue thickness, MLD fat content and fat/connective tissue percentage in 9^{th} -11^{th} part of the ribs. It was not determined that other combinations of genotypes significantly affect carcass thickness and fatness, although the p-values indicate certain relationships where the *FASN*-AA genotype has a lower carcass fat value compared to the *FASN*-GG/GA genotypes and the *FASN*-GG genotype (p=0.153 and p=0.211) and fat in MLD (p=0.438; p=0.366). In the *SCD* genotype, fat, and connective tissue in the cross-section of the ribs had the highest value in the *SCD*-TT genotype compared to the *SCD*-CC and *SCD*-CT genotypes (TT > CC > CT; p<0.100). However, a significant difference (p=0.049) was observed between *SCD*-TT versus *SCD*-CT/CC genotypes and between heterozygous *SCD*-CT versus *SCD*-TT/CC homozygous genotypes. EUROP fat grade in *GH* genotypes had a high level of significance (p=0.053) with the highest proportion of fat in the heterozygous *GH*-CG genotype (CG > CC > GG). It was also determined

that the fat content in the carcass was significantly lower in the heterozygous *GH*-GC genotype compared to the *GH*-CC/GG genotypes (p=0.029). A significant difference between the content of fat and connective tissue, with a higher value found in the *GH*-CC genotype compared to the *GH*-CG/GG genotypes (p=0.046). Also, a difference was found between the content of fat and connective tissue in the heterozygous *GH*-GC genotype compared to the homozygous *GH*-CC/GG genotypes (p=0.034).

A significant influence of docosahexaenoic fatty acid was found in *FASN*-AA genotype (p=0.024), while docosadiene had a significant influence in *FASN*-GG genotype compared to GA/AA genotypes (p=0.009). *FASN*-GG genotype had a significant value of SFA (p=0.033) and omega-6/omega-3 ratio (p=0.008). Nondecenoic (p=0.012), eicosadiene (p=0.002) and docosahexaenoic (p=0.005) fatty acids were statistically more significant in the *FASN*-AA genotype compared to the *FASN*-GA/GG genotypes, which was evident with nondecenoic acid and in the *FASN*-GG/AA ratio (p=0.036) of homozygous *FASN* gene genotypes compared to *FASN*-AA genotype. comparing only homozygous types of the *FASN* gene, the *FASN*-AA genotype had a significant value for eicosadiene (p=0.013) and docosadiene (p=0.005) fatty acids, but also for the ratio of omega-6/omega-3 fatty acids (p=0.014). The *SCD*-CC/TT genotype had a significant influence of pentadecanoic (p=0.049) and heptadenoic (p=0.020) fatty acids compared to the *SCD*-TT genotype, behenic fatty acid had a significant influence in the *SCD*-TT genotype (p=0.002), as well as total shares of PUFA (p=0.043), omega-3 (p=0.042) and omega-6 (p=0.044) fatty acids, while linoleic (p=0.029), α-linolenic (p=0.028) and total shares of SFA (p=0.029) had *SCD*-CC genotype. The results of the comparison of homozygous genotypes of the *SCD* gene showed significant values of PUFA (p=0.043), omega-3 (p=0.042), omega-6 (p=0.044) and the ratio of PUFA/MUFA (p=0.039) fatty acids in *SCD*-TT genotype.

GH-CG genotype had a significant value (p=0.039) of palmitic, while *GH*-GG (p=0.034) had eicosane fatty acids, and *GH*-CC genotype (p=0.048) omega-6/omega-3 fatty acid ratio. A significant value of palmitic (p=0.018), non-decanoic (p=0.039) and eicosenoic (p=0.010) fatty acids was shown by the *GH*-GG/GC genotype compared to the *GH*-CC genotype, which was confirmed by comparing the heterozygous *GH*-GC genotype compared to homozygous *GH*-GG/CC genotypes where nondecanoic acid had a significant p-value (p=0.040). The results of the comparison of only homozygous genotypes of the *GH* gene showed a significant value of eicosane fatty acid (p=0.044) in the dominant *GH*-GG genotype, while the ratio of omega-6/omega-3 fatty acids was significant in the *GH*-CC genotype (p=0.048).

This research did not establish a significant increase in the content of saturated fatty acids in the muscle and subcutaneous fat tissue of beef cattle, but a significant influence (p<0.05) of *FASN*, *SCD* and *GH* gene polymorphisms on individual fatty acids and on the total proportion

of unsaturated fatty acids was determined. Based on the results of the research in question, it is possible to conclude that more favourable quotients of polyunsaturated fatty acids and ratios of ω-6/ω-3 fatty acids were determined in the meat of the researched animals. The obtained research results are significantly different from the authors mentioned in the paper itself, although the methods used are very similar or identical to those of fellow researchers. One of the possible reasons may be in the allele frequencies and genotypes of the *FASN, SCD* and *GH* genes, certainly the sampling itself (number of samples) and the methodology of work and data processing. The explanation of the obtained results of various studies can be that polymorphisms of the *FASN, SCD* and *GH* genes did not significantly affect the composition of fatty acids, that the markers are not strong enough (informative) if crossbreeds are used in the research (due to the different frequency of allelic variants), while a small number of breeds and the number of sampled individuals should be increased in order to make the research even more extensive and complex. In any case, this research laid a good foundation for further expansion of the study of the mentioned genes and their influence of polymorphism on the composition of fat and fatty acids in beef meat.

Key words: polymorphism, *FASN*, *SCD*, *GH*, beef meat, adipose tissue, fatty acids

Sadržaj

1. UVOD 1

1.1. Hipoteze i ciljevi istraživanja 3

2. PREGLED DOSADAŠNJIH ISTRAŽIVANJA 4

2.1.1. Pregled brojnog stanja goveda u svijetu i u Hrvatskoj 4

2.2. Goveđe meso 4

2.3. Masti i masne kiseline govedskog mesa u prehrani ljudi 5

2.3.1. Masti 5

2.3.2. Masne kiseline 6

2.3.3. Sadržaj masnih kiselina u goveđem mesu 7

2.3.4. Nutritivna vrijednost mesa 9

2.4. Genetski polimorfizmi i sastav masnih kiselina 13

2.4.1. *FASN* 13

2.4.2. *SCD* 15

2.4.3. *GH* 17

3. MATERIJALI I METODE RADA 19

3.1. Pokusne životinje 19

3.2. Ekstrakcija ukupnih lipida u mišićima i analiza masnih kiselina 21

3.3. Izolacija genomske DNA 23

3.3.1. Analiza polimorfizma *FASN*, *SCD* i *GH* gena 24

3.4. Statistička obrada podataka 28

4. REZULTATI ISTRAŽIVANJA 29

4.1. Frekvencije opaženih alelnih varijanti gena 29

4.2. Utjecaj polimorfizma *FASN*, *SCD* i *GH* gena na odlike trupa 33

4.3. Utjecaj *FASN, SCD* i *GH* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina junadi 35

4.3.1. Utjecaj *FASN* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi 35

4.3.2. Utjecaj *SCD* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi 45

4.3.3. Utjecaj *GH* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi 55

5. RASPRAVA 66

5.1. Polimorfizam alelnih varijanti *FASN, SCD i GH* gena 66
5.2. Polimorfizam alelnih varijanti *FASN, SCD i GH* gena sa odlikama trupa 67
5.3. Polimorfizam alelnih varijanti *FASN*, *SCD* i *GH* gena na sadržaj masnih kiselina.....69
6. ZAKLJUČCI.....77
7. POPIS LITERATURE 78
8. ŽIVOTOPIS 90
9. PRILOZI 93

Popis kratica

CLA= Konjugirana linolna kiselina (eng. **C**onjugated **L**inoleic **A**cid)

FAO = Food and agriculture organisation

FASN = Sintaza masnih kiselina (eng. **F**atty **A**cid **S**yntase)

GH = Hormon rasta (eng. **G**rowth **H**ormone)

GHRM = Hormon koji oslobađa hormon rasta (eng. **G**rowth **H**ormone **R**eleasing **H**ormone)

GWAS = Genomske studije povezanosti (eng. **G**enome **W**ide **A**ssociation **S**tudies)

HAPIH = Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu

HDL = Lipoprotein visoke gustoće (eng. **H**igh **D**ensity **L**ipoprotein)

IMF = Intramuskularna mast (eng. **I**ntra**m**uscular **F**at)

LCFA = Dugolančane masne kiseline (eng. **L**ong **C**hain **F**atty **A**cids)

LDL = Lipoprotein niske gustoće (eng. **L**ow **D**ensity **L**ipoprotein)

LSMEAN = Srednja vrijednost linearnih obilježja (eng. **L**east **S**quares **M**eans)

MCFA = Masne kiseline srednjeg lanca (eng. **M**edium **C**hain **F**atty **A**cids)

MLD = Dugački leđni mišić (lat. *musculus longissimus dorsi*)

MUFA = Mononezasićene masne kiseline (eng. **M**ono**u**nsaturated Fatty Acids)

NGS = Sekvenciranje sljedeće generacije (eng. **N**ext **G**eneration **S**equencing)

NL = Neutralni lipid (eng. **N**eutral **L**ipid)

OCFA = Masne kiseline s neparnim brojem C ugljikovih atoma (eng. **O**dd-**C**hain **F**atty **A**cids)

PCR = Lančana reakcija polimerazom (eng. **P**olymerase **C**hain **R**eaction)

PL = Fosfolipid (eng. **P**hospholipid)

PUFA = Polinezasićene masne kiseline (eng. **P**oly**u**nsaturated **F**atty **A**cids)

QTL = Lokus kvantitativnog svojstva (eng. **Q**uantitative **T**rait **L**oci)

SCD = Stearol-CoA desaturaza (eng. **S**tearoyl-**C**oA **D**esaturase)

SCFA = Masne kiseline kratkog lanca (eng. **S**hort **c**hain **F**atty **A**cids)

SE = Standardna pogreška (eng. **S**tandard **E**rror)

SFA = Zasićene masne kiseline (eng. **S**aturated **F**atty **A**cids)

SNP = Polimorfizam jednog nukleotida (eng. **S**ingle **N**ucleotid **P**olymorphism)

SRIF = Somatostatin (eng. Somatotstatin)

TL = Ukupni lipidi (eng. **T**otal **L**ipid)

UFA = Nezasićene masne kiseline (eng. **U**nsaturated **F**atty **A**cids)

VLCFA = Masne kiseline vrlo dugog lanca (eng. **V**ery **L**ong **C**hain **F**atty **A**cids)

vs. = vs. (eng. **v**er**s**us)

WHO = Svjetska zdravstvena organizacija (eng. **W**orld **H**ealth **O**rganization)

Popis tablica

Tablica 1. Prosječan kemijski sastav mesa različitih goveda..... 9
Tablica 2. Pregled pasmina i križanca goveda obuhvaćenih predmetnim istraživanjem.....19
Tablica 3. Karakteristike početnica za amplifikaciju *FASN*, *SCD* i *GH* gena.....24
Tablica 4. Uvjeti amplifikacije *FASN*, *SCD* i *GH* gena 25
Tablica 5. Sadržaj smjese i pozicija cijepanja DNA sekvence restrikcijskim endonukleazama 26
Tablica 6. Veličina genotipova *FASN*, *SCD* i *GH* gena.....26
Tablica 7. Broj genotipova i frekvencije genotipova *FASN* gena po pasminama i križancima 29
Tablica 8. Frekvencije alelnih varijanti, zapažena (Ho) i očekivana heterozigotnost (He) *FASN* gena po pasminama i križancima 30
Tablica 9. Broj genotipova i frekvencije genotipova *SCD* gena po pasminama i križancima 30
Tablica 10. Frekvencije alelnih varijanti, zapažena (Ho) i očekivana heterozigotnost (He) *SCD* gena po pasminama i križancima 31
Tablica 11. Broj genotipova i frekvencije genotipova *GH* gena po pasminama i križancima.31
Tablica 12. Frekvencije alelnih varijanti, zapažena (Ho) i očekivana heterozigotnost (He) *GH* gena po pasminama i križancima 32
Tablica 13. Srednje vrijednosti (LSMEAN±SE i *p*-vrijednosti) zamašćenosti trupa obzirom na utjecaj *FASN*, *SCD* i *GH* genotipa 34
Tablica 14. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednosti) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa.....35
Tablica 15. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa 37
Tablica 16. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG vs. GA/AA).....38
Tablica 17. Sadržaja zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG vs. GA/AA).....39
Tablica 18. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG/GA vs. AA).....40
Tablica 19. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG/GA vs. AA) 41
Tablica 20. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG/AA vs. GA).....42
Tablica 21. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG/AA vs. GA) 43

Tablica 22. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG vs. AA)....44
Tablica 23. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG vs. AA)....45
Tablica 24. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa....46
Tablica 25. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa....47
Tablica 26. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT vs. CC/CT)....48
Tablica 27. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT vs. CC/CT)....49
Tablica 28. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT/TC vs. CC)....50
Tablica 29. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT/TC vs. CC)....51
Tablica 30. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT/CC vs. CT)....52
Tablica 31. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT/CC vs. CT)....53
Tablica 32. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT vs. CC)....53
Tablica 33. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT vs. CC)....55
Tablica 34. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa....56
Tablica 35. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa....57
Tablica 36. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG/GC vs. CC)....58
Tablica 37. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG/GC vs. CC)....59
Tablica 38. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG vs. GC/CC)....59
Tablica 39. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG vs. GC/CC)....60

Tablica 40. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i p-vrijednost) obzirom na utjecaj GH genotipa (GG/CC vs. GC) 62
Tablica 41. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i p-vrijednost) obzirom na utjecaj GH genotipa (GG/CC vs. GC) 63
Tablica 42. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i p-vrijednost) obzirom na utjecaj GH genotipa (GG vs. CC) 64
Tablica 43. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i p-vrijednost) obzirom na utjecaj GH genotipa (GG vs. CC) 65

Popis slika

Slika 1. Sinteza masnih kiselina (preuzeto s: https://epomedicine.com/medical-students/fatty-acid-synthesis-simplified/; pristup: 13.03.2023.) 7
Slika 2. Struktura triacilglicerola - 2D (preuzeto s: https://en.wikipedia.org/wiki/Triglyceride; pristup: 10.01.2023.) 8
Slika 3. Telad F1 križanci HOL x BB u pokusu (izvor: A. Ivanković) 19
Slika 4. June F1 križanac HOL x BB (izvor: A. Ivanković) 19
Slika 5. Unutarnja i vanjska strana juneće polovice (izvor: A. Ivanković) 21
Slika 6. Obrađena juneća polovica na hlađenju (izvor: A. Ivanković) 21
Slika 7. Disekcija junećeg rebrenog isječka (9. do 11. rebro; izvor: A. Ivanković) 22
Slika 8. Poprečni presjek rebrenog isječka na poziciji 9./10. rebra (izvor: A. Ivanković) 22
Slika 9. Restrikcija FASN (a), SCD (b) i GH (c) gena djelovanjem MscI, Fnu4HI i AluI restrikcijskih endonukleaza. Prva kolona označuje standard veličine 50 bp. 27

1. UVOD

Goveđe meso je važna namirnica u prehrani ljudi, a njegova proizvodnja i potrošnja u Svijetu minulih desetljeća konstantno se povećava. U svijetu je u 2021. godini zabilježeno 325 milijuna goveda mesnih pasmina te je proizvedeno 68 milijuna tona goveđeg mesa (Faostat, 2022). U Europi je u prošlom desetljeću evidentiran pad proizvodnje goveđeg mesa za 0,5 milijuna tona što je dijelom posljedica gubitka oko šest milijuna goveda u proizvodnji mesa. Proizvodnja goveđeg mesa u Hrvatskoj zasniva se na oko 170 tisuća grla što rezultira proizvodnjom od 44 tisuće tona, uglavnom junećeg mesa (HAPIH, 2021). Obzirom na aktualno proizvodno okruženje i očekivanja potrošača, prilagodbe tehnologija proizvodnje i uzgojno-selekcijskog pristupa usredotočene su na optimizaciju korištenja raspoloživih genotipova i unaprjeđenje kakvoće mesa.

Intramuskularno masno tkivo važan je čimbenik nutritivne i senzorne vrijednosti goveđeg mesa. Potrošači su posebice u pogledu zdravstvenog aspekta senzibilizirani za udjele i odnose masti i masnih kiselina, budući da je dio zasićenih masnih kiselina prikazan da ima štetno djelovanje na krvožilni sustav potrošača. Suprotno, jednostruko zasićene masne kiseline i višestruko nezasićene masne kiseline imaju uglavnom pozitivne zdravstvene učinke. Masne kiseline imaju važnu ulogu u staničnom metabolizmu, održavanju staničnih membrana te korištenja hranjivih tvari (De Smet i sur., 2004). Sastav masnih kiselina je vrlo bitan čimbenik kvalitete mesa jer nadopunjuje nutritivne, senzorne i funkcionalne aspekte mesa. Varijabilnost u sastavu masnih kiselina, posebice zasićenih masnih kiselina, utječe na čvrstoću masnog tkiva, što se u konačnici odražava na preradbene odlike mesa (Wood i sur., 2008b). Oksidativna stabilnost mišićnog tkiva koja utječe na boju i okus mesa dijelom je uvjetovana sastavom masnih kiselina. Sastav masti i sadržaj masnih kiselina goveđeg mesa predmet je brojnih istraživanja koja su potvrdila da su isti uvjetovani genetskim profilom te brojnim negenetskim čimbenicima koji utječu na ekspresiju gena, metaboličke profile, dinamiku rasta, nakupljanja masnog tkiva te zamašćenost trupa. Nakupljanjem masnog tkiva goveda, mijenjaju se udjeli i odnosi masnih kiselina unutar intramuskularnog masnog tkiva.

Minulih godina znanstveni interes dijelom je usmjeren na polimorfne regije gena odgovorne za kodiranje sinteze masnih kiselina (*FASN*; engl. Fatty Acid Synthase) i konverzije masnih kiselina (*SCD*; engl. Stearoyl-CoA Desaturase) odnosno hormona rasta (*GH;* engl. Growth hormone). *FASN* gen odgovoran je za kodiranje multifunkcionalnog enzimskog kompleksa koji sa sedam aktivnih mjesta sudjeluje u konverziji acetil koenzima A i malonil koenzima A u palmitat koji je važan u sintezi dugo lančanih zasićenih masnih kiselina. Zhang i sur. (2008b) zapazili su tri SNP mutacije u kodirajućim regijama goveđeg *FASN* gena od kojih je pozicija 17924 A>G SNP odgovorna za promjenu slijeda aminokiselina (treonina u alanin) što je imalo

značajan učinak na sadržaj masnih kiselina u mesu. Miristinska masna kiselina je zasićena masna kiselina i ima je manje u *FASN*-GG genotipu, a više u *FASN*-AA genotipu prema Maharani i sur. (2012), a Li i sur. (2012) utvrdili su značajno veći udio sadržaja zasićenih masnih kiselina i niži sadržaj nekih nezasićenih masnih kiselina u *FASN*-AA genotipu.

SCD je enzim koji katalizira konverziju zasićenih masnih kiselina u nezasićene masne kiseline u adipocitima sisavaca. Palmitat i stearat koji se prevode u palmitoleat i oleat, glavni su sastojci membranskih fosfolipida i triacilglicerola koji se mogu pohraniti u masno tkivo. Enzim *SCD* kodiran je genom pozicioniranim na 26 goveđem kromosomu, a jedan od utvrđenih polimorfizama je 8586 C>T na 4 egzonu. Maharani i sur. (2012) ustanovili su da SNP 8586 C>T *SCD* gen značajno utječe na sadržaj miristoleinske i oleinske masne kiseline dok su Li i sur. (2012) zapazili povezanost *SCD*-CC genotipa s nižim sadržajem zasićenih masnih kiselina i višim sadržajem jednostruko zasićenih masnih kiselina u mesu goveda.

Hormon rasta (*GH*) u goveda ima ključnu ulogu u regulaciji rasta i metabolizmu, diferencijaciji stanica, glukoneogenezi i aktivaciji lipaze (Jakaria i sur., 2009) te se veže na receptore u jetri stimulirajući sekreciju inzulinu sličnog hormona rasta (IGF-I) koji potiče rast staničja (Akcay i sur., 2015; Fedota i sur., 2017). Gen *GH* pozicioniran je u goveda na 19 kromosomu. Lucy i sur. (1993) zapazili su polimorfizam na SNP poziciji 2141 C>G na egzonu 5 *GH* gena koji rezultira promjenom aminokiselinskog slijeda na 127. poziciji proteina (leucin>valin). Navedeni SNP polimorfizam na poziciji 2141 C>G značajno je povezan sa sadržajem mononezasićenih masnih kiselina i zasićenih masnih kiselina te omjerima nezasićenih/zasićenih masnih kiselina (Ardiyanti i sur., 2009). Međutim, Maharani i sur. (2012) nisu zapazili povezanost polimorfizma *GH*-a gena na poziciji 2141 C>G sa sadržajem i odnosima masnih kiselina u goveđem mesu, što otvara istraživačka pitanja na kojima se dijelom temelji doktorski rad.

1.1. Hipoteze i ciljevi istraživanja

Hipoteze:

1. Unutar populacije goveda prisutan je polimorfizam kodogenih regija *FASN*, *SCD* i *GH* gena.
2. Jedinke s *FASN*-G i *GH*-C alelnom varijantom gena imat će veću zamašćenost trupa i manji sadržaj zasićenih masnih kiselina u mesu.
3. Jedinke sa *SCD*-T alelnom varijantom imat će manju zamašćenost trupa i veći sadržaj nezasićenih masnih kiselina u mesu.

Ciljevi:

1. Utvrditi frekvencije polimorfnih alelnih varijanti *FASN*, *SCD* i *GH* gena.
2. Utvrditi povezanost alelnih varijanti *FASN*-A/G gena, *SCD*-C/T gena i *GH*-C/G gena sa zamašćenošću trupova, sadržajem zasićenih i nezasićenih masnih kiselina u mesu junadi.
3. Utvrditi utjecaj interakcije alelnih varijanti *FASN*, *SCD* i *GH* gena sa zamašćenošću trupova, sadržajem zasićenih i nezasićenih masnih kiselina u mesu junadi.

2. PREGLED DOSADAŠNJIH ISTRAŽIVANJA

2.1. Proizvodnja goveđeg mesa u svijetu i u Hrvatskoj

2.1.1. Pregled brojnog stanja goveda u svijetu i u Hrvatskoj

Ukupno u svijetu ima 1,5 milijardi goveda, od čega je 325 milijuna goveda u neposrednoj proizvodnji mesa, a u Europskoj uniji je 116 milijuna goveda u proizvodnji mesa (EU, Faostat, 2021). Prema podacima Eurostata (2022) proizvodnja goveđeg mesa u svijetu procijenjena je na oko 68 milijuna tona od čega se oko 7,5 milijuna tona proizvodi na području Europske unije. Prema izvještaju HAPIH (2022) u Hrvatskoj je 2021. godine evidentirano blizu 486.000 goveda svih dobnih kategorija, a samo oko 6,7% krava pripada nekoj od mesnih pasmina.

2.2. Goveđe meso

Goveđe meso je važna komponenta zdrave prehrane jer osigurava proteine s povoljnim omjerom aminokiselina, željeza, vitaminima (posebice B skupine) i drugim važnim mineralima poput cinka (Williamson i sur., 2006). Ono značajno doprinosi unosu masnoća u ljudskoj prehrani, a upravo je ta komponenta hrane posljednjih godina najviše u središtu pozornosti obzirom na njen učinak na zdravlje ljudi. Meso životinja sadrži velike količine zasićenih masnih kiselina (SFA; engl. **S**aturated **F**atty **A**cids), te manje količine višestruko nezasićenih masnih kiselina (PUFA; engl. **P**oly **U**nsaturated **F**atty **A**cids). Ova neravnoteža zasićenih i nezasićenih masnih kiselina utječe na niz oboljenja, posebice na kardiovaskularne bolesti (Schollan i sur., 2014). Svjetska zdravstvena organizacija (WHO – World Health Organization, 2018.) preporuča da udio ukupnih masnoća, zasićenih masnih kiselina, ω-6 i ω-3 višestruko nezasićenih masnih kiselina, te slobodnih masnih kiselina treba činiti <15-30%, <10%, <5-8%, <1-2%, odnosno <1% ukupnog energetskog unosa obroka. Istraživanja pokazuju da na sadržaj i odnos masnih kiselina u mesu utječu proizvodni čimbenici kao što su: hranidba životinja, dob, masa, spol i pasmina (Park i sur., 2018). Sastav masti, odnosno masnih kiselina, ovisi i o pozicioniranosti mišića na tijelu jedinke. Navedene razlike daju informaciju mesnoj industriji kako bi potrošačima osigurala meso s uravnoteženim omjerima masnih kiselina, bilo u obliku svježeg mesa ili mesnih proizvoda, koji imaju pozitivan učinak na zdravlje ljudi (Pethick i sur., 2021).

2.3. Masti i masne kiseline govedskog mesa u prehrani ljudi

2.3.1. Masti

U životinjskom organizmu četiri su glavna „skladišta“ masnog tkiva kod životinja: abdominalno, supkutano, intermuskularno i intramuskularno skladište. Udio ukupne tjelesne masti varira među vrstama životinja (Warriss, 2000). Trigliceridi (*triacilgliceroli*) su glavna komponenta (> 90%) masnog tkiva (Wood i sur., 2008a). Male količine drugih komponenti kao što su digliceridi, monogliceridi, slobodne masne kiseline, vitamini topivi u mastima i esteri kolesterola također se mogu naći u međumišićnim mastima. Intermuskularno masno tkivo je lokalizirano između mišića (Rhee, 1992). Intramuskularna mast važan je čimbenik koji određuje senzorne karakteristike kao što su okus, sočnost i tekstura mesa, kao i njegovu nutritivnu vrijednost. Sastav i kvaliteta masti mogu se opisati sastavom masnih kiselina, točkom taljenja masti i raznim indeksima kao što su aterogenost i desaturacija (Hwang i Joo, 2017). Intramuskularni lipidi čine mali udio ukupnih lipida u tijelu, a njihov sadržaj uvelike varira, od 1% do 15% (Kauffman, 2012). Mišići sadrže oko 5% intramuskularnih lipida. U organoleptičkom smislu lipidi poboljšavaju okus, sočnost i nježnost mesa. Meso s vrlo niskim sadržajem lipida potrošači ocjenjuju organoleptički lošim. Međutim, visoke razine lipida u mesu koje su vidljive potrošači ne cijene jer je masnoća mesa povezana s pojavom nekih bolesti (kardiovaskularne bolesti, pretilost i karcinom; Scollan i sur., 2014).

Adipogeneza je pojam koji obuhvaća pretvorbu mezenhimskih matičnih stanica u preadipocite, proliferaciju preadipocita, te diferencijaciju i pretvorbu preadipocita u zrele adipocite (Hausman i sur., 2009). Adipogeneza u goveda počinje u trbušnim adipocitima oko sredine gravidnosti (Du i sur., 2013). Du i sur. (2013) primijetili su da se ova faza adipogeneze proteže od neonatalnog razdoblja za abdominalne adipocite do rane faze odbijanja od sise, sugerirajući da tijekom kasne faze tova goveda intermuskularni adipociti mogu kontinuirano rasti, dok razvoj trbušnog, intermuskularnog i supkutanog masnog tkiva može usporiti ili prestati rasti.

Sastav i kvaliteta masti mogu se opisati sastavom masnih kiselina, točkom taljenja masti i raznim indeksima kao što su aterogenost (stvaranje prekomjernih masnih stanica u krvnim stijenkama) i desaturacija (postupak uklanjanja atoma vodika iz molekule što rezultira stvaranjem dvostruke veze; Berg i sur., 2019). Procjena sastava goveđe masti temelji se na strukturi masnih kiselina. Obično se postiže derivatizacijom masnih kiselina različitih klasa lipida u metilne estere masnih kiselina, koji se zatim mogu analizirati plinskom kromatografijom, tekućinskom kromatografijom visoke učinkovitosti ili kombinacijom obje (Tormási i Abrankó, 2021). Intramuskularna mast goveda sastoji se u prosjeku od 45 do 48% SFA, 35 do 45% mononezasićenih masnih kiselina (MUFA; engl. **M**ono **U**nsaturated **F**atty **A**cids) i do 5% PUFA (Scollan i sur., 2006). Scollan i sur. (2006) navode da su prevladavajuće

zasićene masne kiseline miristinska, palmitinska i stearinska kiselina, pri čemu palmitinska čini 30% ukupnih zasićenih masnih kiselina. Oleinska kiselina je glavna MUFA, te preostale MUFA pojavljuju se uglavnom kao cis- i trans-izomeri 18:1 masne kiseline, a linolna i α-linolenska masna kiselina su najznačajnije PUFA.

2.3.2. Masne kiseline

Masne kiseline su široko rasprostranjene u prirodi, hrani i organizmima. Svrstavaju se u skupinu lipida i važna su komponenta staničnih membrana. Masne kiseline su karboksilne kiseline s dugim alifatskim lancem koje mogu biti zasićene ili nezasićene.

Masne kiseline u mesu imaju 12-22 atoma ugljika. Ti atomi ugljika raspoređeni su u osnovnu strukturu: CH3─(CH2)n-COOH. Kada su na svaki atom ugljika između metilne i karboksilne skupine vezana dva atoma vodika, masne kiseline se nazivaju zasićenim masnim kiselinama. Na pozicijama na kojima se gube atomi vodika, nastaju dvostruke veze između susjednih atoma ugljika te nastaju nezasićene masne kiseline. Masne kiseline s jednom dvostrukom vezom nazivaju se mononezasićene masne kiseline, a one s više od jedne dvostruke veze nazivaju se polinezasićene masne kiseline. SFA se u tijelu sintetiziraju uglavnom u masnom tkivu iz glukoze ili acetata (Enser i sur., 1998) a u intramuskularnoj masti goveđeg mesa dominiraju dvije zasićene masne kiseline, palmitinska i stearinska masna kiselina. Dominantna masna kiselina iz MUFA skupine u goveđem mesu je oleinska masna kiselina. PUFA se uglavnom unose hranom, iako neke od njih nastaju sintezom, uglavnom u jetri (Chen i Liu, 2020).

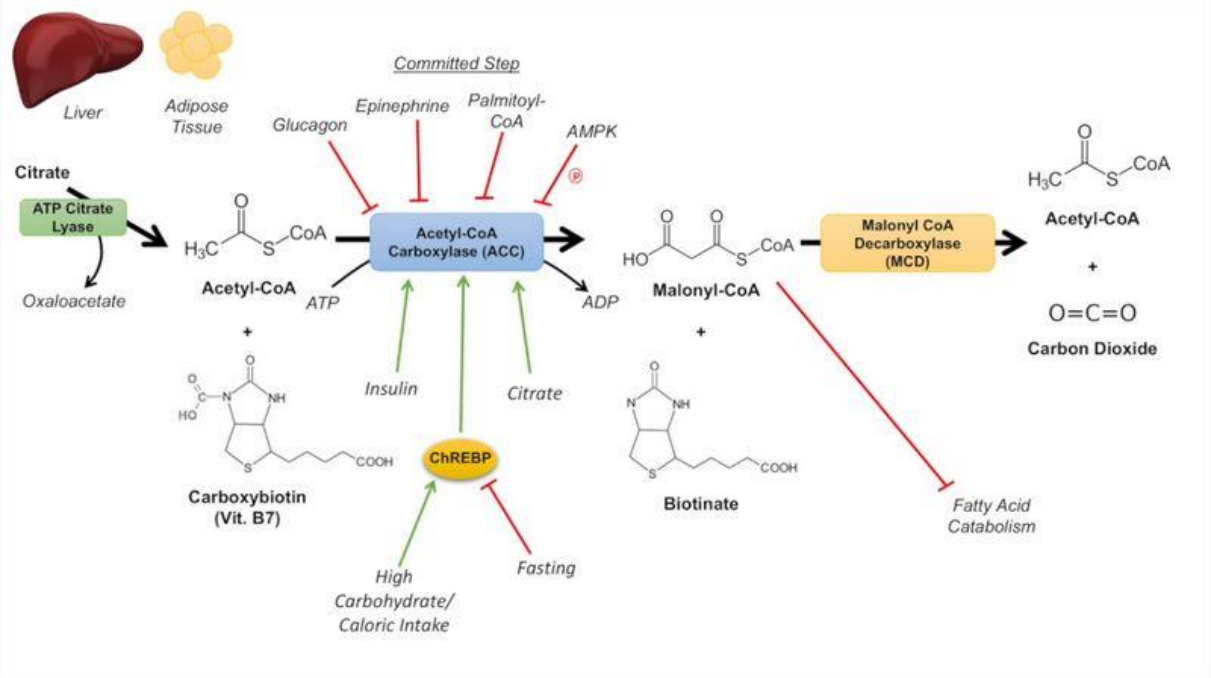
Prema Berg i sur. (2019) jedan od načina klasifikacije masnih kiselina je prema duljini lanca ugljikovih atoma. Masne kiseline sastoje se od karboksilne kiseline s dugim i ne razgranatim lancem ugljikovih atoma. Ovisno o broju ugljikovih atoma, masne kiseline ravnog lanca se dijele na:

- kratkolančane masne kiseline (SCFA: eng. **S**hort-**C**hain **F**atty **A**cids, C2-C7),
- srednjelančane masne kiseline (MCFA: eng. **M**edium-**C**hain **F**atty **A**cids, C8-C13),
- dugolančane masne kiseline (LCFA: eng. **L**ong-**C**hain **F**atty **A**cids, C14-C19), i
- jako dugolančane masne kiseline (VLCFA: eng. **V**ery-**L**ong-**C**hain **F**atty **A**cids, C20+).

Druga klasifikacijska skupina masnih kiselina su masne kiseline s neparnim brojem ugljikovih atoma (OCFA: eng. **O**dd-**C**hain **F**atty **A**cids). Najčešći OCFA su zasićeni derivati, odnosno pentadekanska kiselina i heptadekanska kiselina (Berg i sur., 2019).

Tijelo čovjeka može sintetizirati većinu masnih kiselina, s izuzetkom nekih esencijalnih PUFA kao što su linolna i α-linolenska masna kiselina. Linolna kiselina je najzastupljenija masna kiselina u prirodi i prekursor je ostalih ω-6 masnih kiselina, dok se ω-3 masne kiseline

sintetiziraju iz α-linolenske kiseline (Nagy i Tiuca, 2017). Kod životinja se masne kiseline stvaraju iz ugljikohidrata u jetri, masnom tkivu i mliječnim žlijezdama. Shema sinteze masnih kiselina kod životinja prikazana je na slici 1.



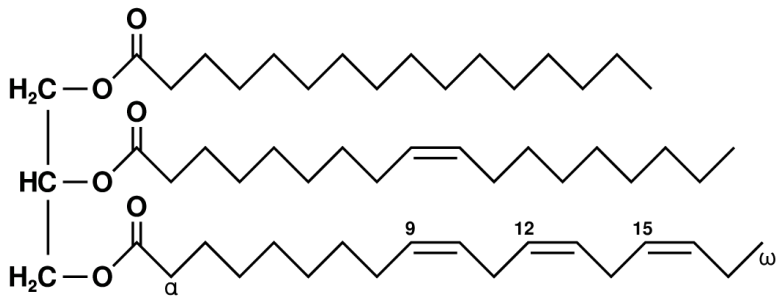
Slika 1. Sinteza masnih kiselina (preuzeto s: https://epomedicine.com/medical-students/fatty-acid-synthesis-simplified/; pristup: 13.03.2023.)

Sastav masnih kiselina može varirati između različitih pasmina goveda, što upućuje da je metabolizam masti genetski kontroliran te se profili masnih kiselina mogu mijenjati genetskom selekcijom (Lemos i sur., 2017). Sastav masnih kiselina složeno je obilježje no primjena genomske selekcije i pronalazak kandidat gena za udio masnih kiselina mogu koristiti u budućoj provedbi programa selekcije (Zhu i sur., 2017).

2.3.3. Sadržaj masnih kiselina u goveđem mesu

Meso se sastoji od mišića, masnog tkiva, kostiju, vezivnog tkiva, živaca i krvnih žila. Mišić bez masnog tkiva, sadrži od 1 do 4% ukupnih masnih kiselina, odnosno ukupnih lipida (TL; engl. **T**otal **L**ipid) dok masno tkivo sadrži 60-90% ukupnih lipida (Wood i sur., 2004). Masne kiseline u masnom tkivu nalaze se uglavnom u obliku triacilglicerola, dok su u mišićima u obliku triacilglicerola i fosfolipida (PL; engl. **P**hospho**l**ipid; Berg i sur., 2019).

Triacilglicerol, čija je struktura prikazana na slici 2., sastoji se od glicerola na koji su vezane tri masne kiseline. Nazivaju se neutralnim lipidima (NL; engl. **N**eutral **L**ipid) jer nemaju naboj (druge glavne komponente neutralnih lipida su sterolni esteri).



Slika 2. Struktura triacilglicerola - 2D (preuzeto s: https://en.wikipedia.org/wiki/Triglyceride; pristup: 10.01.2023.)

Masne kiseline u mesu se dijele u dvije glavne skupine lipida; na neutralne triacilglicerole (funkcija skladištenja) i polarne glicerofosfolipide (strukturna i metabolička funkcija). Prva je glavna lipidna komponenta (> 90%) masnog tkiva kod odraslih životinja (vidljiva mast). Drugu skupinu čine fosfolipidi koji su sastavni dio staničnih membrana i u ukupnim masnim kiselinama zastupljene su između 10% i 40%. Fosfolipidi imaju mnogo veću koncentraciju PUFA od triacilglicerola. Kako životinje namijenjene za proizvodnju mesa rastu i razvijaju se do vremena klanja, one pohranjuju sve veće količine masti u trupu, uključujući mišićnu masnoću (intermuskularna i intramuskularna masnoća) (Wood i sur., 2008a).

Masno tkivo kod goveda može se klasificirati prema poziciji mišićnog tkiva; na intramuskularno, intermuskularno i supkutano masno tkivo, a navedeni depoi čine 1,7%, 8,4% i 2,2% mase trupa (Aldai i sur., 2007). Kombinacija neutralnih lipida i fosfolipida u mišićima obično se naziva intramuskularna mast (IMF; engl. **I**ntra**M**uscular **F**at) ili mramorna mast, iako se strogo govoreći mramoriranost odnosi na pruge masnog tkiva u mišićima koje postaju vizualno vidljive kada udio ukupnih lipida prijeđe oko 2% mišićne mase (Wood i sur., 2008a). U supkutanom i intermuskularnom masnom tkivu najzastupljenije su SFA i MUFA dok je njihov sadržaj u intramuskularnom masnom tkivu znatno manji (Aldai i sur., 2007). Od zasićenih masnih kiselina u goveđem mesu najzastupljenije su miristinska, palmitinska i stearinska kiselina. Postoje indicije da palmitinska kiselina povećava razinu kolesterola u krvnom serumu, prvenstveno povećanjem LDL kolesterola (LDL; engl. **L**ow-**D**ensity **L**ipoprotein) što povećava rizik pojave od ateroskleroze, kardiovaskularnih bolesti i moždanog udara (Mozaffarian i sur., 2005). Od mononezasićenih kiselina najzatupljenija je oleinska kiselina i čini udio od 33% masnih kiselina u govedini, a od polinezasićenih linolna kiselina (C18:2 cis-9, cis-12) i α-linolenska kiselina (C18:3 cis-9, cis-12, cis-15).

Linolna kiselina i α-linolenska masna kiselina nazivaju se esencijalnim masnim kiselinama jer se ih organizam životinje ne može sintetizirati. Linolna masna kiselina glavna je PUFA u

biljkama koje se koriste u hranidbi životinja. U većini biljaka α-linolenska masna kiselina prisutna je u manjim udjelima od linolne kiseline (Ponnampalam i sur., 2021).

Kod preživača, razgradnja PUFA u buragu vrši se procesom mikrobne biohidrogenacije što rezultira proizvodnjom SFA i MUFA, kao i MUFA s trans dvostrukim vezama (atomi vodika nalaze se na suprotnim stranama dvostruke veze; Wood i sur., 2008a). Bakterije buraga proizvode masne kiseline s konjugiranim dvostrukim vezama (dvije dvostruke veze između ugljikovih atoma odvojene su jednom jednostrukom vezom).

Tablica 1. Prosječan kemijski sastav mesa različitih goveda (Chail i sur., 2017; Hwang i Joo, 2017; Giaretta i sur., 2019.)

Kemijski sadržaj	Hanwoo govedina	Američka govedina	Australijska govedina	Angus govedina (Chail i sur., 2017)	Angus govedina (Giaretta i sur., 2019)
Proteini (%)	20,42	19,95	20,89	22,43	18,54
Voda (%)	72,52	68,63	72,84	75,03	74,68
Mast (%)	5,94	10,22	5,15	2,6	3,8
Pepeo (%)	1,05	1,02	1,05	1,11	1,06

Sastav masnih kiselina goveđe masti smatra se važnim zdravstvenim čimbenikom jer različiti sastav masnih kiselina smanjuje udio zasićenih masti, osigurava mekoću mesa ali može i doprinijeti povišenim razinama kolesterola u krvnom serumu i koronarnoj bolesti kod ljudi (Kelly i sur., 2013).

2.3.4. Nutritivna vrijednost mesa

Nutritivnu vrijednost mesa određuju njegovi osnovni sastojci: proteini, masti, vitamini i minerali. Meso se sastoji od oko 72-75% vode, 21% proteina, 2,5-5% masti, 1% vitamina i ugljikohidrata (vrlo mala količina glikogena, koja se tijekom *post mortalnog* razdoblja pretvara u mliječnu kiselinu) te 1% pepela (kalij, fosfor, natrij, klor, magnezij, kalcij i željezo (Kauffman, 2012).

Sadržaj intramuskularne masti i sastav masnih kiselina najvažniji su čimbenici koji pridonose nutritivnoj vrijednosti, uz biološku vrijednost proteina, elemenata u tragovima i vitamina (Wyness, 2016). Masne naslage u mišićnim vlaknima omekšavaju meso tijekom kuhanja i poboljšavaju okus kemijskim promjenama uzrokovanim toplinom koje omogućuju interakciju molekula proteina i masti. Kada je mast kuhana s mesom, meso također izgleda sočnije (Usman i sur., 2015).

Sastav masnih kiselina mesa određuje njegovu nutritivnu vrijednost, te utječe na kakvoću mesa i njen okus. Nutritivna vrijednost je dijelom određena omjerom SFA i PUFA te

ravnotežom između ω-6 i ω-3 masnih kiselina (Prado i sur., 2009). Lemos i sur. (2016) utvrdili su da su laurinska i miristinska masna kiselina imaju utjecaj na ljudsko zdravlje i odgovorne su za povećanje razine LDL kolesterola u krvnom serumu i razvojem rane koronarne bolesti. Količina laurinske (manje od 1%) i miristinske (2-3%) masne kiseline u goveđem mesu je niska, dok je udio stearinske masne kiseline veći i iznosi oko 18% u goveđem mesu. Costa i sur. (2018) utvrdili su da je učinak stearinske masne kiseline na razinu ukupnog kolesterola minimalan i nije štetan za zdravlje.

Masne kiseline s neparnim brojem ugljikovih atoma, kao što su pentadekanska kiselina i heptadekanska kiselina u goveđem mesu zastupljene su s manje od 1%. Nastaju uglavnom od nakupljanja produkta 3-ugljične masne kiseline kao rezultat nedostatka vitamina B12. Masne kiseline s neparnim brojem ugljikovih atoma mogu se akumulirati u membranskim lipidima živčanog tkiva, što rezultira promijenjenim integritetom mijelina i demijelinizacijom, te u konačnici dovodi do oštećenja funkcije živčanog sustava (Müeller i sur., 1998).

Zasićene masne kiseline u mesu potječu iz krmiva, formirane u buragu od nezasićenih dijetalnih masnih kiselina ili sintetizirane u jetri i/ili masnom tkivu iz glukoze/acetata. Dannenberger i sur. (2004) izvijestili su o 10 izomera konjugirane linolne kiseline (CLA engl; **C**onjugated **L**inoleic **A**cid) u govedini, pri čemu CLA cis-9, trans-11 čini približno 70% ukupnih CLA izomera (USDA, 1989). Elaidinska kiselina je trans-MUFA, odnosno trans-izomer oleinske kiseline čiji je udio od 2 do 5% u goveđem mesu zastupljenih masnih kiselina. Najviši udio utvrđen je u mastima preživača jer se iz linolne kiseline pretvara u konjugiranu linolnu kiselinu uz pomoć bakterija buraga (Vahmani i sur., 2015). Namirnice životinjskog podrijetla, od govedine do mliječnih proizvoda poput mlijeka, maslaca, jogurta i sireva bogate su CLA. Na povećanje sadržaja CLA u mliječnoj masti može se utjecati dodacima u hranidbi domaćih životinja. Utvrđeno je da hranidba obrokom obogaćenim elaidinskom masnom kiselinom (trans oblik) rezultira višim razinama LDL kolesterola u odnosu na hranidbu obrokom bogatijim oleinskom kiselinom (cis oblik; Abbas i sur., 2009). Abbas i sur. (2009) su utvrdili da je hrana obogaćena C18:1-trans masnom kiselinom rezultirala višim razinama lošeg kolesterola (LDL) u usporedbi s C18:1-cis masnom kiselinom. Iako C18:1-trans masna kiselina povisuje loš kolesterol (LDL) jednako kao i zasićene masne kiseline, nije imala utjecaj na razinu „dobrog“ kolesterola (HDL). Ostale MUFA uključuju palmitoleinsku kiselinu (2-3%), transvakcensku kiselinu (3-4%) i vakcensku masnu kiselinu (1-2%; Vahmani i sur., 2015).

Više nezasićene masne kiseline (PUFA) mogu biti zastupljene kao ω-6 ili ω-3 masne kiseline, što opisuje položaj dvostruke veze duž ugljikovodičnog lanca od metilnog kraja. Iz skupine ω-6 masnih kiselina sadržajno je najzastupljenija linolna kiselina koja je ujedno i esencijalna. U probavnom sustavu goveda enzimi desaturaza i elongaza mogu pretvoriti linolnu kiselinu u

dugolančane ω-6 masne kiseline poput arahidonske masne kiseline. Najzastupljenija masna kiselina iz skupine ω-3 masnih kiselina je α-linolenska masna kiselina koja se može pretvoriti u dugolančane ω-3 masne kiseline poput eikosapentenske masne kiseline ili dokosaheksaenske masne kiseline (C22:6 n-3; Mariamenatu i Abdu, 2021). Junad hranjena napasivanjem u lipidima mesa sadrže veći udio C18:3 n-3, a ovisno o sustavu menadžmenta, sadržaj C20:5 n-3, C22:5 n-3 i C22:6 n-3 također će biti povišen zbog elongacije i desaturacije C18:3 n-3 masne kiseline u mišićju. Hranidba koncentratom tijekom završne faze tova junadi uzgojene na pašnjacima dovodi do smanjenje udjela C18:3 n-3 i povećanja udjela C18:2 n-6 masne kiseline (Scollan i sur., 2017).

Riblje ulje i morske alge najbogatiji su dostupni izvori C20:5 n-3, C22:5 n-3 i C22:6 n-3 masnih kiselina, te se koriste kao dodaci u prehrani junadi za povećanje sadržaja dugo lančanih ω-3 PUFA u mesu. Međutim, riblje ulje i morske alge inhibiraju potpunu biohidrogenaciju C16 i C18 nezasićenih masnih kiselina u buragu, uzrokujući time nakupljanje brojnih trans masnih kiselina i redukciju sinteze C18 masne kiseline, uzrokujući time povećanje sadržaja trans zasićenih masnih kiselina u junetini.

Tijekom pretvorbe u dugolančane PUFA, C18:2 n-6 i C18:3 n-3 dijele iste enzime pri čemu veći udio linolne masne kiselinerezultira sintezom dugolančanih PUFA (Williams i Burdge, 2006). Williams i Burdge (2006) navode da ω-6 i ω-3 masne kiseline imaju važnu fiziološku ulogu u organizmu jer se pretvaraju u eikosanoide koji, između ostalih funkcija, kontroliraju perfuziju (prokrvljenost) tkiva. Raes i sur. (2004.) su zapazili da Belgian Blue pasmina ima vrlo visok udio PUFA u intramuskularnom masnom tkivu, što je izravno povezano s niskim udjelom masti u mesu. Sadržaj C18:2 n-6 u dugom leđnom mišiću Belgian Blue junadi hranjenih dodatkom lanenih sjemenki bile su iznad 10% ukupnih lipida, a omjer PUFA/SFA bio je iznad 0,3%.

Poticaj prilagodbi sastava (odnosa) masnih kiselina u govedine potrebama potrošača, je promišljanje kako goveđe meso učiniti zdravijim za ljudsku prehranu. Poznati su učinci zasićenih masnih kiselina na zdravlje ljudi te činjenica da povećana koncentracija kolesterola u krvnoj plazmi dovodi do povećanja učestalosti kardiovaskularnih bolesti (Mozaffarian i sur., 2010; Hooper i sur., 2011). Visoki sadržaji palmitinske i miristinske masne kiseline koje se nalaze u goveđem mesu povezuju se s nepoželjnim profilima kolesterola u plazmi ljudi (Kris-Etherton i Yu, 1997). Potrošači preferiraju hranu s nižom koncentracijom SFA i visokim koncentracijama MUFA i PUFA. Smanjenje omjera ω-6/ω-3 masnih kiselina u govedini također je poželjno za ljudsko zdravlje jer potiče biosintezu eikosanoida koji imaju protuupalno djelovanje (Wall i sur., 2010). Preporuča se prehrana s omjerom PUFA/SFA iznad 0,45 i omjerom ω-6/ω-3 ispod 4,0 kako bi se spriječio nastanak raznih bolesti poput krvožilnih ili karcinoma (Williams, 2000.; Simopoulos, 2004). Omjer ω-6/ω-3 u govedini je nizak, tj. povoljan

zbog većeg sadržaja korisnih ω-3 PUFA (osobito C18:3 n-3) i dugo lančanih eikosapentaenske kiseline i dokosaheksaenske masne kiseline.

Najzastupljenije trans-masne kiseline; vakcenska kiselina (C18:1 trans-11) i konjugirana linolna kiselina (C18:2 cis-9, trans-11) prisutne su u visokim koncentracijama u supkutanom i intermuskularnom masnom tkivu goveda (Aldai i sur., 2007). Glavni izomer konjugirane linolne kiseline u mišićima preživača je cis-9,trans-11 konjugirana linolna kiselina koji čini više od 80% ukupne konjugirane linolne kiseline, dok trans-10, cis-12 konjugirana linolna kiselina čini 3-5% ukupne konjugirane linolne kiseline. Vakcenska masna kiselina uz djelovanje enzima stearoil-CoA desaturaze (*SCD*) prelazi u konjugiranu linoleinsku masnu kiselinu (CLA; C18:2 cis-9, trans-11). Obje navedene masne kiseline imaju više povoljnih zdravstvenih učinaka na potrošače (Willett i sur., 1993.; Pietinen i sur., 1997).

Učinak pasmine na sastav masnih kiselina goveđeg mesa određen je stupnjem mramoriranosti ili sadržajem ukupne masti u mišićima (Wood i sur., 2008b), što ovisi o aktivnosti *SCD-a* nekih pasmina goveda (Smith i sur., 2009). Pasmine kao što su japansko crno govedo Wagyu i korejsko Hanwoo govedo, poznate po visokom stupnju mramoriranosti mišićnog tkiva, većem sadržaju oleinske masne kiseline i posljedično veću sadržaj MUFA u usporedbi s drugim pasminama (Smith i sur., 2006). Veći sadržaj linolne masne kiseline (C18:2 cis-9, cis-12) i niži sadržaj oleinske masne kiseline u intramuskularnom masnom tkivu utvrdili su Wood i sur. (2008b) na pasminama poput belgijskog plavog goveda i Piemontese goveda, poznate po fenotipu „dvostruke muskuloznosti“. Uočene razlike sastava masnih kiselina u mesu navedenih pasmina posljedica su povećanja sadržaja mišićnih fosfolipida zbog dvostruke muskuloznosti karakteristične za navedene pasmine. Križanje pasmina jedan je od načina na koji se može utjecati na promjenu sastava masnih kiselina u goveđem mesu. Koncentracije MUFA u dugom leđnom mišiću (*m. longissimus dorsi*) i supkutanom masnom tkivu bile su veće kod križanaca Jersey i Wagyu goveda nego križanaca goveda Angus, Hereford, South Devon, Limousin i belgijskog plavog goveda (Pitchford i sur., 2002).

2.4. Molekularna genetika u govedarstvu

Genom goveda prvotno je odabran za sekvenciranje zbog jedinstvene biologije preživača i njegove važnosti kao glavnog izvora proteina u ljudskoj prehrani (Tellam i sur., 2009). Konzorcij za sekvenciranje i analizu genoma goveda sekvencirao je genom goveda 2009. godine. Mnogi pojedinačni nukleotidni polimorfizmi (SNP; engl. **S**ingle-**N**ucleotid **P**olymorphism) također su generirani iz djelomičnog slijeda šest pasmina (Holstein, Angus, Jersey, Limousin, Crveno Norveško i Brahman). Zajedno s Hereford sekvencom, koja je služila kao referentni genom goveda, informacije o genomu ostalih pasmina pružaju podlogu za vrednovanje genetskih svojstava u komercijalnim programima uzgoja (Burt, 2009). Danas se

zna da se goveđi genom sastoji od 3 milijarde baznih parova i sadrži približno 22 000 gena (Tellam i sur., 2009).

Molekularna genetika napravila je napredak u identifikaciji gena ili genetskih markera koji utječu na svojstva kakvoće mesa. Strategija kandidat gena predložena je izravnim pretraživanjem lokusa kvantitativnih svojstava (QTL; engl. **Q**uantitative **T**rait **L**oci). Lokus kvantitativnog svojstva je regija deoksiribonukleinske kiseline koja je povezana s određenim fenotipskim svojstvom koji se može prepisati učincima dvaju ili više gena i njihovom okruženju. Važno je utvrditi veličinu učinka koji lokus ima u ekspresiji svojstva, kako bi selekcija bila potpomognuta onim regijama s najvećim učinkom na svojstvo od interesa. Karakterizacija QTL varijacija temelji se na uporabi genetskih markera i postupka genotipizacije za cijeli genom i/ili specifične lokuse (Raza i sur., 2020). QTL-ovi su kromosomski položaji ocrtani alelima, povezani s mjerljivim učinkom na kvantitativno svojstvo. Važan korak je mapiranje QTL-ova kako bi se identificirali geni koji doprinose varijacijama u kvantitativnim osobinama. Utvrđeno je da neki kandidat geni imaju DNA polimorfizam povezan s osobinama kvalitete govedine (Lashari i sur., 2015). Gen kandidat je gen za koji se smatra da je povezan s određenim fenotipskim svojstvom o čijoj se biološkoj funkciji zaključuje izravno iz životinjskih modela s drugim vrstama (koristeći komparativne genomske studije), studije povezanosti na razini genoma (GWAS; engl. **G**enome-**W**ide **A**ssociation **S**tudies) i novije metode sekvenciranja sljedeće generacije (NGS; engl. **N**ext-**G**eneration **S**equencing) (Giri i Mohapatra, 2017). Budući da kandidat geni imaju specifična biološka djelovanja povezana s različitim aspektima ciljanog svojstva, mogu pružiti vrijednu strategiju za otkrivanje QTL-a koji kontroliraju genetske varijacije (Bordbar i sur., 2019).

2.4. Genetski polimorfizmi i sastav masnih kiselina

2.4.1. *FASN*

Sintaza masnih kiselina (*FASN;* engl. **F**atty **A**cid **S**ynthase) je enzim koji igra središnju ulogu u metabolizmu lipida sisavaca kao i u regulaciji biosinteze dugolančanih masnih kiselina. Sa sedam aktivnih mjesta, *FASN* katalizira sve reakcijske korake pretvorbe acetil-CoA i malonil-CoA u palmitat u prisutnosti NADPH (Roy i sur., 2005). Kod životinja je sinteza *FASN*-a reguliran proces koji ovisi o hranidbi i radu hormona u svim fazama života, uključujući i neonatalni razvoj (Roy i sur., 2005.; Morris i sur., 2007). Goveđi *FASN* gen je mapiran na BTA19 (BTA; engl. **B**os **T**aurus **A**utosomes; Zhang, 2008b). Zhang (2008b) je utvrdio da se domena tioesteraze (TE) odgovorna za sintezu masnih kiselina kodirana sa četiri egzonska (39-42) kompleksa *FASN*-a. Zhang (2008b) je utvrdio da je polimorfizam g.17924A>G SNP, koji uzrokuje promjenu aminokiseline iz treonina u alanin, povezan sa sadržajem C14:0, C16:0, C18:1, SFA i MUFA u *m. longissimus dorsi* mišiću Angus bikova. Uočene veze između *FASN*

g.17924 A>G u domeni tioesteraze *FASN*-a i sastava masnih kiselina govedine pripisane su mogućem učinku ove mutacije na duljinu lanca sintetiziranih masnih kiselina (Zhang i sur., 2008b). Prerano oslobađanje produljenih ugljikovih lanaca masnih kiselina od strane tioesterazne domene *FASN*-a moglo bi dovesti do proizvodnje miristinske kiseline umjesto palmitinske kiseline, konačnog produkta reakcije katalizirane *FASN* genom. Yeon i sur. (2013) otkrili su da je SNP g.17942A>G značajno povezan s sadržajem C16:0, C16:1, C18:1, SFA i nezasićenim masnim kiselinama u Hanwoo volova. Li i sur. (2012) su u svojem istraživanju otkrili da je g.17924A>G SNP povezan sa širokim rasponom SFA od C10:0 do C20:0 te višestruko nezasićenim masnim kiselinama. Povezanost genotipa AA s višim udjelima SFA i C14:0 te nižim udjelima C18:1 masne kiseline bile su u skladu s rezultatima koje je objavio Zhang (2008a) u *m. longissimus dorsi* mišiću Angus bikova. Bartoň i sur. (2016) utvrdili su kod SNP g.17924A>G koji se nalazi u egzonu 39 kod Holstein goveda, da životinje s AA genotipom imaju više udjele C14:0, C16:0, C14:1 i SFA u mišićima, dok udjeli C18:1 n-9 i MUFA, kao i omjer MUFA/SFA, bili su niži nego kod životinja s GG genotipom. Morris i sur. (2007) utvrdili su da je SNP g.17924A>G povezan s udjelom miristinske masne kiseline u masnom tkivu križanaca Jersey i Limousin goveda. Jeong i sur. (2012) u svojem su istraživanju utvrdili korelaciju između učestalosti ekspresije *FASN* gena i sadržaja IMF-a u *m. longissimus dorsi* mišiću korejskog goveda i zaključili da je ekspresija gena *FASN* u pozitivnoj korelaciji sa sadržajem IMF-a (p<0,01). Kaplanová i sur. (2013) potvrdili su da nema značajnog učinka SNP-a g.17924A>G na SFA, MUFA ili PUFA u genotipu *FASN*-GG, ali su uočili značajnu razliku između AG i GG genotipa sa sadržajem miristinske i palmitinske masne kiseline kod križanih goveda češkog Fleckvieh, Charolais, Simmental, Galloway the Blonde d'Aquitaine. Isti autori zaključili su da je alel A povezan s nižim sadržajem nezasićenih masnih kiselina u odnosu na G alel *FASN* gena.

Polimorfizmi u *FASN* genu povezani su sa sastavom masnih kiselina intermuskularne i intramuskularne masti kod Japanskog crnog i Limousin goveda (Abe i sur., 2009.; Matsuhashi i sur., 2011.). Pronađene su značajne povezanosti između A alela *FASN* g.15531 C>A i *FASN* g.15603 G>A i smanjene koncentracije miristinske masne kiseline u supkutanom masnom tkivu (Morris i sur., 2007). U istom istraživanju prethodno otkriveni *FASN* g.17924 A>G i *FASN* g.18663 T>C, oba smještena u tioesteraznoj domeni *FASN* gena, testirani su na povezanost s masno-kiselinskim sastavom govođeg mesa. Utvrđena je povezanost alelne G *FASN* g.17924 A>G s većim udjelom oleinske masne kiseline i MUFA, te niži udio miristinske, palmitinske kiseline i SFA u trigliceridima i ukupnim lipidnim frakcijama *m. longissimus dorsi* mišića. Uočili su i povezanosti između sadržaja SFA, MUFA, miristinske i oleinske masne kiseline u ukupnim lipidnim frakcijama i *FASN* g.18663 T>C. Oba *FASN* g. 17924 A>G i *FASN* g.18663 T>C SNP-a bili su značajno povezani s koncentracijama oleinske masne kiseline i

MUFA, a *FASN* g.18663 T>C SNP dodatno je povezan s koncentracijama PUFA u fosfolipidnoj frakciji ukupnih intramuskularnih lipida.

Dodatne mutacije *FASN* g.16024 A>G i *FASN* g.16039 T>C koje su značajno povezane sa sastavom masnih kiselina govedine identificirane su u egzonu 34 *FASN*-a (Abe i sur., 2009). Mutacije *FASN* g.16024 A>G i *FASN* g.16039 T>C odgovorne su za promjene aminokiselina iz treonina u alanin i iz triptofana u arginin. Ove dvije fizički bliske mutacije rezultirale su s dva haplotipa, AT i GC. Haplotip AT *FASN* gena povezuje se nižim udjelom miristinske, miristoleinske, palmitinske i palmitoleinske masne kiseline i većim udjelom stearinske i oleinske masne kiseline te veći omjer MUFA/SFA u *m. longissimus dorsi* u usporedbi s *FASN*-GC haplotipom. Postojale su i značajne povezanosti između *FASN* haplotipova i istih masnih kiselina u depoima intramuskularnog i intermuskularnog masnog tkiva. Polimorfizam japanskog crnog goveda kod *FASN* g.17924 A>G SNP-a utvrdio je navjeću zastupljnost *FASN*-G alelne varijante. Budući da je prethodno pokazano da je G alel *FASN* g.17924 A>G povezan s višim udjelom MUFA i oleinske masne kiseline u *m. longissimus dorsi* Angus goveda, isto se može objasniti i za veći udio navedenih masnih kiselina intramuskularnom tkivu japanskog crnog goveda (Zembayashi i Lunt, 1995). Također, *FASN* g.17924 A>G SNP može se koristiti zajedno s *FASN* g.16024 A>G i *FASN* g.16039 T>C za otkrivanje utjecaja na povećanje intramuskularnog udjela MUFA i oleinske masne kiseline u govedini.

2.4.2. *SCD*

Stearoil-CoA desaturaza (*SCD;* engl. **S**tearoyl – **C**oA **D**esaturase) je enzim kodiran *SCD* genom koji igra važnu ulogu u određivanju profila masnih kiselina u tkivima preživača (Ntambi, 2013), budući da je odgovoran za pretvorbu SFA u MUFA (Hoashi i sur., 2008). Ovaj enzim, lokaliziran u endoplazmatskom retikulumu, ugrađuje dvostruku vezu između C9 i C10 atoma ugljika u SFA i utječe na sastav masnih kiselina membranskih fosfolipida, triglicerida i estera kolesterola, a također je i ključni enzim u endogenoj proizvodnji cis-9, trans-11 izomera konjugirane linolne masne kiseline (Ntambi, 2013). Odgovoran je za pretvorbu SFA u MUFA u adipocitima sisavaca (Kay i sur., 2004). Također, sudjeluje u ograničavanju brzine u sintezi nezasićenih masnih kiselina umetanjem cis-dvostruke veze u delta 9 (Δ9) poziciju masnih kiselina s palmitatom i stearatom predloženim kao poželjnim supstratima za pretvorbu u palmitoleat odnosno oleat (Ntambi, 2013). Prema Ohsakiju i sur. (2007) *SCD* utječe na prisutnost stearinske i oleinske kiseline u govedini, dok su Milanesi i sur. (2008) utvrdili da je enzim kodiran *SCD* genom također uključen u endogenu sintezu konjugirane linolne masne kiseline. Wood i sur. (2008b) su utvrdili da oleinska kiselina, glavna masna kiselina u mesu, nastaje iz stearinske kiseline pomoću enzima *SCD*, glavnog lipogenog enzima, dok su Wang i sur. (2019) izvijestili da je c.878 T>C SNP unutar *SCD* gena pokazao značajnu povezanost s

C18:1 cis-13 masnom kiselinom kod kanadskih komercijalnih bikova, japanskog crnog goveda i španjolskih pasmina goveda. Pokazalo se da hranidba doprinosi sastavu masnih kiselina, dok genetske čimbenike tek treba razjasniti (Mannen, 2012).

Goveđi *SCD* gen nalazi se na 26. kromosomu i sastoji se od 6 egzona i 5 introna (Alim i sur., 2012.). U istraživanju Jiang i sur. (2008) utvrđen je utjecaj polimorfizma *SCD* gena na taloženje masti i sastav masnih kiselina u mesu. Taniguchi i sur. (2004) utvrdili su da SNP 878 T>C i njegova supstitucija aminokiseline valin s alaninom na aminokiselinskom položaju 293 utječe na točku taljenja intramuskularne masti. Mannen (2011) je potvrdio da alanin povećava udio PUFA na račun SFA u usporedbi s valinom i snižava točku taljenja intramuskularnih masti.

Utvrđeno je da je CC genotip *SCD* c.878 T>C SNP povezan s većim sadržajem MUFA (C14:1 cis-9, C16:1 cis-9 i C18:1 cis-9) i nižom točkom taljenja intermuskularne masti japanskih crnih bikova (Taniguchi i sur., 2004). Ohsaki i sur. (2007) utvrdili su da je genotip CC istog SNP-a povezan sa nižim udjelom C18:0 i višim udjelom C18:1 masne kiseline u perirenalnom i intermuskularnom masnom tkivu japanskog crnog goveda. Bartoň i sur. (2010) utvrdili su povezanost genotipa CC s nižim udjelom C18:0 u intermuskularnom i subkutanom masnom tkivu i većim udjelom C18:1 cis-9 u intramuskularnoj masti Fleckvieh bikova. Li i sur. (2012) utvrdili su povezanosti *SCD* c.878 T>C SNP s miristoleinskom masnom kiselinom, što ukazuje na prevladavajući učinak *SCD* na desaturaciju C14:0. Mannen (2012) je također utvrdio povezanost polimorfizma c.878 T>C *SCD* gena sa sadržajem masnih kiselina goveđeg mesa. Rezultati su ukazali da je razina ekspresije *SCD* mRNA bila značajno viša u japanskog crnog goveda (p<0,05) nego kod Holstein goveda. Nadalje, meso japanskog crnog goveda imalo je više razine MUFA od mesa Holstein goveda (p<0,05). Mannen (2012) je zaključio da navedeni zapažanja ekspresije *SCD* gena mogu doprinose razlikama u sadržaju masnih kiselina japanskih crnih i Holstein goveda.

SCD katalizira desaturaciju dugo lančanih masnih kiselina na atomu ugljika Δ9 do odgovarajućih PUFA (Ntambi, 2013) i jedan je od često istraživanih gena s potencijalnim učinkom na sastav masnih kiselina u supkutanom i intramuskularnom masnom tkivu (Taniguchi i sur., 2004.; Ohsaki i sur., 2007.; Barton i sur., 2007.; Matsuhashi i sur., 2011.; Narukami i sur., 2011.). Sadržaj MUFA izračunat temeljem sadržaja miristoleinske kiseline, palmitoleinske kiseline i oleinske kiseline bila je 1,7 % viša u kod goveda sa C alelnom varijantom u usporedbi s T alelnom varijantom *SCD* g.878 C>T SNP-a. Studije u različitim populacijama japanskog crnog goveda (Ohsaki i sur., 2007.; Matsuhashi i sur., 2011.) potvrdile su povezanost alela C *SCD* g.878 C>T s višim koncentracijama MUFA, što je posljedica značajnih povezanosti alela C s višim koncentracijama miristoleinske i oleinske kiseline u intramuskularnom i supkutanom masnom tkivu. Povezanost alela C *SCD* g.878 C>T s višim koncentracijama MUFA u govedini mogla bi se objasniti većom aktivnošću enzima *SCD* kod

ovih životinja, što dovodi do povećane desaturacije miristinske kiseline i stearinske kiseline, čije su koncentracije smanjene kod goveda s alelom C. Slični rezultati vezani uz polimorfizam *SCD* g.878 C>T utvrđeni su u intramuskularnom masnom tkivu Holstein bikova (Narukami i sur., 2011), ali usporedbe između genotipova nisu otkrile značajne razlike, što ukazuje na slabije učinke povezanosti masnih kiselina i polimorfizama u masnom tkivu mliječnih goveda u usporedbi s mesnim govedima.

2.4.3. *GH*

Geni koji kodiraju hormon rasta (*GH;* engl. **G**rowth **H**ormone), *GH* receptor (*GHR*), transkripcijski faktor PIT-1 (koji aktivira ekspresiju gena *GH* i prolaktina u prednjem režnju hipofize), faktor rasta sličan inzulinu 1 (IGF-1) i možda još neistraženi geni koji kodiraju puteve transdukcije *GH* signala mogli bi pridonijeti genetskoj selekciji goveda (Oprządek i sur., 2005). Goveđi *GH* je intenzivno proučavan kao genetski marker jer ima važne funkcije vezane uz rast i razvoj životinja. Djeluje izravno vežući se na svoje receptore na prekursorske stanice kostiju, mišića i masti i pokreće staničnu proliferaciju (Ardiyanti i sur., 2009). Gen koji kodira hormon rasta je predložen kao gen kandidat za genetske varijante u proizvodnji mesa zbog njegove bitne uloge u fiziološkim mehanizmima povezanim s rastom životinja. Biološki učinci *GH* uključuju različita tkiva i metabolizam ugljikohidrata, lipida, proteina i minerala.

Gen koji kodira hormon rasta (*GH*) je jednolančani polipeptid sastavljen od 191 aminokiseline koje sintetizira i luči prednji režanj hipofize pod kontrolom dvaju hormona. Prvi je hormon koji oslobađa *GH* (GHRH; engl. **G**rowth **H**ormone **R**eleasing **H**ormone) i povećava lučenje *GH*, a drugi je hormon koji inhibira *GH* oslobađanjem somatotropina (SRIF; engl. Somatotropin, također nazvan somatostatin), koji inhibira njegovo lučenje (Silveira i sur., 2008).

Gen za goveđi hormon rasta (*GH*) nalazi se na BTA19; sastoji se od pet egzona koji kodiraju polipeptid od 191 aminokiselina (Bonanome i Grundy, 1988). Među različitim polimorfizmima karakteriziranim na *GH* lokusu, od posebnog je interesa polimorfizam jednog nukleotida (SNP) C>G u egzonu 5, koji pretvara leucin u valin na poziciji 127 (Wollett i sur., 1992). Mnoga su se istraživanja usredotočila na ovo polimorfno mjesto, nazvano *GH* p.L127V, kako bi se procijenila distribucija frekvencija alela u mliječnim, mesnim i kombiniranim pasminama. Schlee i sur. (1994) su utvrdili da je homozigotni genotip leucina (p.127LL) povezan s višom koncentracijom *GH* u krvi.

Ardiyanti i sur (2009) su istraživali učinke ovog gena na učinak rasta i svojstva trupa goveda. Dok je SNP kod goveđeg *GH* otkriven kod Holstein goveda nukleotidnom supstitucijom CTG/GTG na kodonu 127 (Sørensen i sur., 2002), polimorfnu supstituciju ACG/ATG kodonu 172 primijetili su Ardiyanti i sur. (2009) kod japanskih crnih i smeđih goveda. Silveira i sur. (2008) zapažaju učinke polimorfizma *GH* na kodonu 127 na tjelesnu masu i koncentracije

hormona rasta. Schlee i sur. (1994) u svom istraživanju *GH* gena, utvrdili su učinak L/V genotipa na uzgojne vrijednosti bikova simentalske pasmine, pri čemu je heterozigotni L/V genotip bio superiorniji od homozigota LL i VV za svojstvo prirasta. U istraživanju Di Stasio i sur. (2002) utvrdili su da gen koji kodira hormon rasta ima veće učinke na tjelesnu težinu Piemontese goveda. Ardiyanti i sur. (2009) su kod crnog japanskog goveda utvrdili utjecaj polimorfizma *GH* kodona na 127 i 172 poziciji na sadržaj C18:1, MUFA, UFA i MUFA/UFA, te UFA/SFA, odnosno na sadržaj C16:0 i C18:0. Maharani i sur. (2012) nisu utvrdili kod Hanwoo goveda povezanost supstitucije nukleotida na kodonima 127 i 172 sa sadržajem masnih kiselina. Bordonaro i sur. (2020) u istraživanju provedenom na Modicano pasmini goveda u južnoj Italiji uočili su veću razinu MUFA i PUFA kod homozigodnih LL jedinki na 127 poziciji *GH* gena.

3. MATERIJALI I METODE RADA

3.1. Pokusne životinje

Istraživanje je provedeno na 104 jedinke od kojih su 64 bile muškog, a 40 jedinki ženskog spola. Za potrebe istraživanja provedeno je križanje krava Holstein pasmine (HOL) s bikovima četiriju mesnih pasmina (Belgian Blue - BB, Piemontese - PIE, Limousin - LIM i Simmental - SIM). Od čistokrvnih pasmina u predmetnom istraživanju odabrane su pasmine Simmental (SIM), Hereford (HER) i Charolais (CH). Broj jedinki po pasminama i križancima prikazan je u tablici 2.

Tablica 2. Pregled pasmina i križanca goveda obuhvaćenih predmetnim istraživanjem

Pasmina / križanac	Kratica	Broj jedinki (n)
Holstein x Belgian Blue	HOL x BB	20
Holstein x Piemontese	HOL x PIE	20
Holstein x Limousin	HOL x LIM	20
Holstein x Simmental	HOL x SIM	20
Simmental	SIM	8
Hereford	HER	8
Charolais	CH	8

Slika 3. Telad F1 križanci HOL x BB u pokusu (izvor: A. Ivanković)

Slika 4. June F1 križanac HOL x BB (izvor: A. Ivanković)

U programu križanja za svaku mesnu pasminu odabrana su četiri bika čije je sjeme korišteno za umjetno osjemenjivanje. Osjemenjivanje je obavljeno tijekom 4 mjeseca. Nakon teljenja u dobi od 2 tjedna prikupljeno je 10 muških i 10 ženskih teladi za svaku kombinaciju križanja (HOL x BB, HOL x PIE, HOL x LIM, HOL x SIM). Ukupno je prikupljeno 40 muške i 40 ženske teladi tj. uporabnih križanaca za pokusni tov. Telad je prikupljena u dobi od 4,0 do 5,5 mjeseci i zatim smještena u stajski objekt te držana do šest mjeseci starosti. Nakon 6 mjeseci junad je

preseljena u objekt za tov na farmi tovne junadi Poljanski Lug (Vrbovec). Junad je držana u skupnim boksovima, odvojene po spolu, a svaki boks je sadržavao 10 grla. Tov se odvijao u sustavu klasičnog tova tijekom kojeg je junad bila hranjena ujednačenim kompletnim obrokom. Na istovjetan način držana je i junad čistokrvne pasmine (8 junadi svake pasmine (SIM, HER, CH)). Sva junad hranjena je jednom dnevno s obrokom za tovnu junad koji se sastojao se od 6,5 kg kukuruzne silaže (30% suhe tvari), 5,5 kg visoko vlažnog zrna kukuruza (70% suhe tvari), 650 g slame (oko 80% suhe tvari) i 1,4 kg koncentrirane krme (34% sirovih proteina). Prosječna nutritivna vrijednost obroka bila je 76MJ/kg ME i 950 g/kg sirovih bjelančevina. Voda je junadi bila dostupna *ad libitum* putem automatskih pojilica. Ženska grla bila su zaklana u dobi od 14 do 15 mjeseci, muška junad u dobi od 19 do 20 mjeseci, dok su čistokrvne pasmine bile zaklane u dobi od 14 do 19 mjeseci.

Prijevoz goveda do klaonice obavljen je u skladu s važećom zakonskom regulativom (NN 39/2008). Klanje, obrada i rasijecanje trupova obavljeni su u ovlaštenoj klaonici gospodarskog subjekta PIK Vrbovec po standardnom postupku (NN 45/2014) i to slijedom: omamljivanje pneumatskim pištoljem s penetrirajućim klinom, presijecanje velikih vratnih vena (*vena jungularis*) pri visećem položaju radi iskrvarenja, dekapitacija, skidanje kože i primarna obrada trupova.

Prije klanja iz lijeve vratne vene (*vena jungularis)* uzeto je 6 ml krvi sterilnom iglom u epruvetu u kojima se nalazilo 10,8 mg antikoagulasnog konzervansa (K2EDTA). Do analize uzorci krvi čuvani su u zamrzivaču na temperaturi od -20°C. U svrhu određivanja sadržaja masti i sadržaja masnih kiselina uzet je uzorak dugog leđnog mišića (*musculus longissimus dorsi*) otkoštavanjem između 12. i 13. rebra. Uzorci su vakumirani i zamrznuti čuvani na temperaturi od -20°C do kemijskih analiza.

Ocjenu zamašćenosti i konformacije trupova prema EUROP sustavu sukladno važećem Pravilniku o razvrstavanju i označivanju goveđih trupova i mesa (NN 45/2014) izvršio je na toplim polovicama ovlašteni klasifikator. Obrađene polovice su potom smještene u rashladne komore radi hlađenja (24h/4°C) (slika 5. i 6.). Nakon hlađenja, a tijekom rasijecanja, iz desne polovice trupa u visini od 9. do 11. rebra izdvojen je rebreni isječak radi provedbe disekcije tkiva, što je poslužilo za izračun udjela masnog naspram mišićnog i koštanog tkiva (slika 7.).

Slika 5. Unutarnja i vanjska strana juneće polovice (izvor: A. Ivanković)

Slika 6. Obrađena juneća polovica na hlađenju (izvor: A. Ivanković)

Na uzorku MLD-a izuzetog u visini 9. rebra (mase 250 grama) izmjerena je debljina supkutanog masnog tkiva preciznim uređajem s mjernom skalom u mm i provedena kemijska analiza mesa NIT spektrofotometrijom (eng. Near Infrared Transmittance spectroscopy) mjernog raspona 850 – 1050 nm uređajem Foodscan (Foss Electric A/S, Hillerød, Denmark). Isti uzorak korišten je i za potrebe kemijske analize sadržaja i sastava masnih kiselina (slika 8.). Uzorci su se vakumirali i zamrznuti čuvali na temperaturi od -20 °C do provođenja kemijskih analiza. Ukupna mast određena je Soxlet metodom prema ISO 1443 standardu (Boccard i sur., 1981). Udio zasićenih i nezasićenih masnih kiselina određen je plinskom kromatografijom prema Slover i sur. (1993).

3.2. Ekstrakcija ukupnih lipida u mišićima i analiza masnih kiselina

Nakon odmrzavanja, uzorci su homogenizirani Ultra-Turrax T25 Basic homogenizatorom (IKA, Staufen, Njemačka) uređajem u trajanju 60 sekundi (3 x 20 sekundi s intervalima hlađenja od 10 sekundi) s brojem okretaja od 9000 u minuti. Ekstrakcija ukupnih lipida provedena je modificiranom metodom po Folch i sur. (1957). Ukupna mast određena je Soxlet metodom prema ISO 1443 standardu (Boccard i sur., 1891).

Slika 7. Disekcija junećeg rebrenog isječka (9. do 11. rebro; izvor: A. Ivanković)

Slika 8. Poprečni presjek rebrenog isječka na poziciji 9./10. rebra (izvor: A. Ivanković)

Ekstrakcija ukupnih lipida provedena je mješavinom otapala kloroforma i metanola. Omjer otapala za ekstrakciju bio je 15cm^3/g tkiva i bio je podijeljen u tri grupe: a) kloroform : metanol u omjeru 2:1, b) kloroform : metanol u omjeru 1:1 i c) kloroform : metanol u omjeru 1:2. Homogenati ukupnih lipida ekstrahirani su u svakom otapalu 30 minuta uz miješanje (700

okretaja u minuti) i zatim centrifugirani 10 minuta pri brzini od 3000 okretaja u minuti na 20 °C. Ekstrakti ukupnih lipida su kombinirani i koncentrirani u rotacijskom isparivaču UNIVAPO 100H sa opremljenom jedinicom za hlađenje UNICRYO MC 2L (Uniequip, Planegg, Njemačka) te pohranjeni na -20 °C do analize.

Metilni esteri masnih kiselina dobiveni su trans esterifikacijom iz ukupnih ekstrakata lipida međunarodnom standardnom postupku ISO 5509 (2000). Dobiveni metilni esteri masnih kiselina pripremljeni su za analizu plinskom kromatografijom prema Slover i sur. (1993).

Analiza metillnih estera masnih kiselina provedena je plinskim kromatografom (Agilent 8860, Agilent Technologies, Kalifornija, SAD) opremljenim plamenoionizacijskim detektorom (FID). Temperature injektora i detektora bile su 200°C, odnosno 240°C. Kromatografija je provedena na kapilarnoj koloni DB-23 (Agilent Tecnologies, Kalifornija, SAD; duljina 30 m, unutarnji promjer kolone 0,25 mm, debljina aktivnog sloja 0,25 µm). Početna temperatura kolone bila je 120°C tijekom 3 minute, zatim je povišena na 260 °C (zagrijavanje 6 °C/min) i držana na spomenutoj temperaturi 5 minuta. Vodik je korišten kao plin nosač pri brzini protoka od 1mL/minuti. Prikupljanje i obrada rezultata provedena je pomoću računalnog programa OpenLAB CDS ChemStation Workstation VL. Masne kiseline su identificirane usporedbom retencijskih vremena s metilnim standardima (Sigma Aldrich Chemie, GmbH i Supelco, SAD).

3.3. Izolacija genomske DNA

Uzorci mesa prikupljeni su nakon klanja i pohranjeni na -20 °C. Izolacija DNA iz tkiva provedena je korištenjem Sigma-AldrichTM GenElute Mammalian Genomic DNA Miniprep Kit. Prije početka izolacije uzorci krvi su odmrznuti na sobnoj temperaturi i temeljito promiješani. Koncentrati otopina za predispiranje i ispiranje razrijeđeni su s 27,5 ml odnosno 80 ml 96% etanola. Proteinaza K (10 mg) otopljena je u 0,5 ml Mili Q vode (Sigma) kako bi se dobila 20 mg/ml otopina proteinaze K.

U reagensnu plastičnu (Eppendorf) epruvetu volumena 1,5 ml stavljeno je 20 µL pripremljene otopine proteinaze K, zatim je dodano 200 µL uzorka krvi te je dobro promiješano na miješalici (Hermle Labortechnik). Kako bi se dobila genomska DNA slobodna od RNA dodano je 20 µL RNase A otopine te je smjesa inkubirana 2 minute na sobnoj temperaturi uz miješanje na termomikseru (Eppendorf). Uzorku je dodano 200 µL otopine za liziranje, sadržaj je potom miješan 15 sekundi te je smjesa inkubirana na 55 °C/10 minuta uz miješanje na termomikseru. U epruvete s vezujućim kolonama dodano je 500 µL otopine za pripremu kolona koja omogućuje jače vezanje DNA za membranu i centrifugirano je 12000 okretaja/minuti.

Nakon inkubacije, odbacio se tekući dio iz epice te se uzorku dodalo 200 µL 96% etanola. Takva smjesa temeljito je protresena 10 sekundi gdje se dobila homogenizirana otopina.

Ovako pripremljen uzorak premješten je u epice koje su prethodno pripremljene s vezujućim kolonama i centrifugirane 1 minutu na 7800 okretaja/minuti. Ponovno se odbacio tekući sadržaj te središnji dio epice premjestio u novu 2 mL epicu. Kolona se napunila s 500 µL otopine za pred ispiranje i centrifugirala se 1 minutu na 7800 okretaja/minuti. Takav uzorak ponovno je bio premješten u novu 2 mL epicu. Ponovno se dodala 500 µL otopina za ispiranje i centrifugirala se 4 minute na 10600 okretaja/minuti. Kolona je potom opet bila premještena u novu 2 ml epicu u koju je bilo dodano 200 µL elucijske otopine izravno u kolonu, inkubirano 5 minuta na sobnoj temperaturi te centrifugirano 1 min na 7800 okretaja. Takav izolat u sebi sada sadrži čistu genomsku DNA. Koncentracija DNA u otopini provjerena je elektroforetski na 1% agaroznom gelu.

Za izradu 1% agaroznog gela korišteno je 0,75 g agaroze (Cleaver Scientific Ltd) koja je zagrijavanjem otopljena u 75 ml 1x TBE pufera (0,5 M Tris baza, 0,5 M borna kiselina, 10 nM EDTA) te je bilo dodano 1,5 µL etidijevog bromida. U jažice pripremljenog gela stavljeno je 2 µL aplikacijskog pufera i 1,5 µL izolata. Elektroforeza je trajala 10 minuta na 120 V. Uzorci su vizualizirani pomoću UV transiluminatora. Do daljnjih analiza izolat je čuvan na temperaturi od -20 °C.

3.3.1. Analiza polimorfizma *FASN*, *SCD* i *GH* gena

Umnažanje sekvenci DNA provedeno je lančanom reakcijom polimeraze (PCR; eng. Polymerase Chain Reaction) prema protokolu proizvođača s EmeraldAmp® MAX HS PCR Master mix. Oligonukleotidne početnice kreirane prema Maharani i sur. (2012) prikazane su u tablici 3.

Tablica 3. Karakteristike početnica za amplifikaciju *FASN*, *SCD* i *GH* gena

Gen	Oznaka početnice	Sekvenca	Referenca
FASN	F-*FASN*	5'-TCTTCACAGAGCTGACGGAC-3'	Maharani i sur., 2012
	R-*FASN*	3'-GGAGGAAGAGCRGRRGCAGT-5'	
SCD	F-*SCD*	5'-CCTGGTGTCCTGTTGTTGTG-3'	
	R-*SCD*	3'-TAGACGTGGTCTTGCTGTGG-5'	
GH	F-*GH*	5'-TCTATGAGAAGCTGAAGGACCTGGAGGAA-3'	
	R-*GH*	3'-CCAGAATAGAATGACACCTACTCAGACAAT-5'	

Amplifikacija kodogene sekvence provedena je u reakcijskoj smjesi od 13,8 µL (5,4 µL MiliQ vode, 7,5 µL EmeraldAmp GT PCR Master Mix, 0,45 µL svakog primera i 1,2 µL DNA). Lančana reakcija polimerazom provedena je na Thermal Cycler MJ Re-search PTC 100 prema temperaturnom programu prikazanom u tablici 4.

Tablica 4. Uvjeti amplifikacije *FASN*, *SCD* i *GH* gena

FASN			
Broj ciklusa	Faza	Temperatura (°C)	Vrijeme (min/s)
1	Početna denaturacija	98	3 min
	Denaturacija DNA	98	10 s
35	Sparivanje početnica s kalupom	61	30 s
	Sinteza komplementarnih lanaca	72	50 s
1	Završno produljenje lanca	72	5 min
SCD			
1	Početna denaturacija	98	3 min
	Denaturacija DNA	98	10 s
35	Sparivanje početnica s kalupom	61	30 s
	Sinteza komplementarnih lanaca	72	50 s
1	Završno produljenje lanca	72	5 min
GH			
1	Početna denaturacija	98	3 min
	Denaturacija DNA	98	10 s
35	Sparivanje početnica s kalupom	58	30 s
	Sinteza komplementarnih lanaca	72	50 s
1	Završno produljenje lanca	72	5 min

Determinacija *FASN*, *SCD* i *GH* alelnih varijanti obavljena je cijepanjem PCR produkta s *MscI*, *Fnu4HI* i *AluI* restikcijskim endonukleazama (tablica 5.). Kontrola kvalitete PCR reakcije provedena je na 1% agaroznom gelu nakon bojanja StainnGreen Nucleic Acid bojom.

Tablica 5. Sadržaj smjese i pozicija cijepanja DNA sekvence restrikcijskim endonukleazama

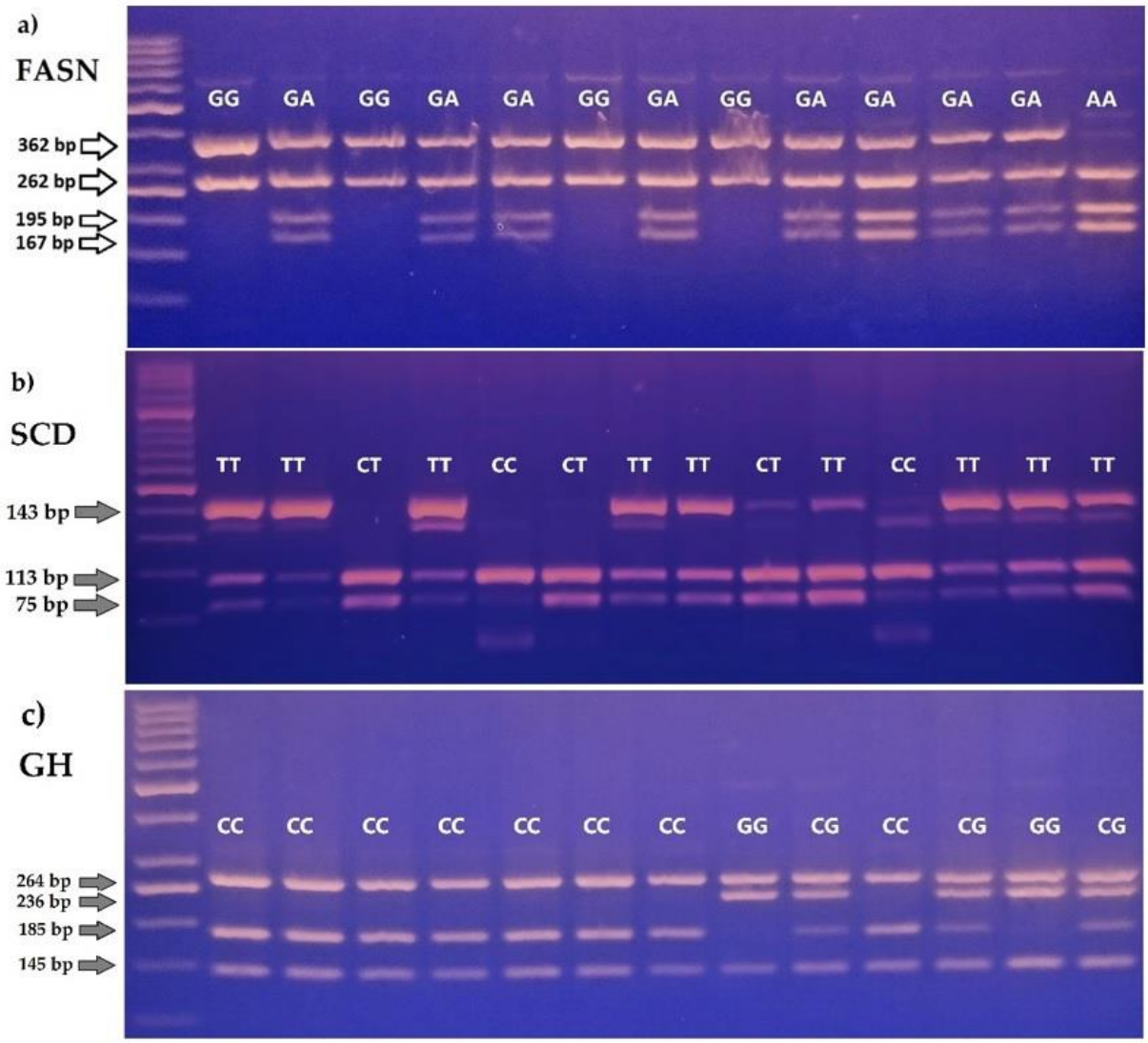
Gen	Komponenta smjese	Volumen (µL)	Pozicija cijepanja sekvence
FASN	H_2O	7,8	5'-TGG^CCA-3'
	10x pufer R	2	
	MscI (5U)	0,2	
	PCR produkt	10	
	UKUPAN VOLUMEN	20	
SCD	H_2O	7,9	5'-GC^(N)GC-3'
	10x pufer G	2	
	Fnu4HI (10U)	0,1	
	PCR produkt	10	
	UKUPAN VOLUMEN	20	
GH	H_2O	7,7	5'-AG^CT-3'
	10x pufer B	2	
	10x pufer BSA	0,2	
	AluI (10U)	0,1	
	PCR produkt	10	
	UKUPAN VOLUMEN	20	

Reakcijske smjese inkubirane su u vodenoj kupelji 4h/37 °C. Rezultati cijepanja restrikcijskih enzima očitani su na 3% agaroznom gelu nakon elektroforeze (85V/40min). Navedena mjesta na kojima restrikcijske endonukleaze cijepaju DNA sekvencu omogućile su identifikaciju polimorfizma navedenih gena.

Tablica 6. Veličina genotipova *FASN*, *SCD* i *GH* gena

Genotipovi i restrikcijske endonukleaze		
FASN (*MscI*)		
GG	**GA**	**AA**
362 bp	362 bp	
262 bp	262 bp	262 bp
	195 bp	195 bp
	167 bp	167 bp
SCD (*Fnu4HI*)		
TT	**CT**	**CC**
143 bp	143 bp	143 bp
113 bp	113 bp	
	75 bp	75 bp
GH (*AluI*)		
CC	**CG**	**GG**
264 bp	264 bp	264 bp
	236 bp	236 bp
185 bp	185 bp	
145 bp	145 bp	145 bp

Za izradu 3% agaroznog gela korišteno je 2,25 g agaroze (Cleaver Scientific Ltd) i 75 ml 1x TBE pufera (0,5 M Tris baza, 0,5 M borna kiselina, 10 nM EDTA) zagrijanih do vrenja u koje je dodano oko 0,5 µL etidijevog bromida. U jažice pripremljenog gela stavljeno je 20 µL izolata i 5 µL 50bp markera na 80 V/ 2h. Uzorci su vizualizirani pomoću UV transiluminatora.



Slika 9. Restrikcija *FASN* (a), *SCD* (b) i GH (c) gena djelovanjem *MscI, Fnu4HI* i *AluI* restrikcijskih endonukleaza. Prva kolona označuje standard veličine 50 bp.

3.4. Statistička obrada podataka

Statistička obrada rezultata obavljena je korištenjem softverskog paketa SPSS. Podaci su obrađeni primjenom GLM statističke procedure prema modelu:

$$Y_{ijklmn} = \mu + g_i + FASN_j + SCD_k + GH_l + S_m + D_{ijklm} + e_{ijklmn}$$

Y_{ijklmn} = izmjereno svojstvo fenotipa

μ= ukupna srednja vrijednost fenotipa

g_i = utjecaj i-te pasmine (i = HOL x SIM, HOL x BB, HOL x PIE, HOL x LIM, SIM, HER, CH)

$FASN_j$ = fiksni utjecaj j- alelne varijante *FASN* gena (GG, GA, AA)

SCD_k = fiksni utjecaj k- alelne varijante *SCD* gena (CC, CT, TT)

GH_l = fiksni utjecaj l- alelne varijante *GH* gena (CC, CG, GG)

S_m = fiksni utjecaj spola

D_{ijklm} = dob uključena kao kovarijabla

e_{ijklmn}= slučajna greška.

4. REZULTATI ISTRAŽIVANJA

4.1. Frekvencije opaženih alelnih varijanti gena

U tablici 7. prikazan je broj opaženih genotipova *FASN* gena istraživanih pasmina i križanaca. Od ukupno 104 jedinke, kod 52 jedinke zapažen je GA genotip, kod 41 jedinke GG genotip te kod 11 jedinki AA genotip. Kod F1 križanaca HOL x BB dominantan genotip *FASN* gena je GG (0,563), dok je kod ostalih križanaca utvrđena dominacija GA genotipa (od 0,455 do 0,480) *FASN* gena. Zastupljenost frekvencije genotipova *FASN* gena po pasminama iznosila je kako slijedi: Simmental pasmina i Hereford pasmina GG genotip s frekvencijama 0,563 te Hereford pasmina GA genotip s frekvencijom od 0,430.

Tablica 7. Broj genotipova i frekvencije genotipova *FASN* gena po pasminama i križancima

		Broj opaženih genotipova			*Frekvencije* genotipova		
Pasmina / križanac	n	GG	GA	AA	GG	GA	AA
HOL x SIM	20	7	12	1	0,423	0,455	0,123
HOL x BB	20	11	8	1	0,563	0,375	0,063
HOL x PIE	20	8	9	3	0,391	0,469	0,141
HOL x LIM	20	6	12	2	0,360	0,480	0,160
SIM	8	4	4	0	0,563	0,375	0,063
HER	8	0	5	3	0,098	0,430	0,473
CH	8	5	2	1	0,563	0,375	0,063

U tablici 8. prikazane su frekvencije alela *FASN* gena istraživanih pasmina i križanaca. Frekvencija G alela *FASN* gena značajno se razlikovala između istraživanih pasmina gdje je najmanji udio G alela utvrđen kod Hereford pasmine (0,313), a najveći udio je bio jednak kod Simmental i Charolais pasmine, kao i kod križanaca HOL x BB pasmine (0,750). Očekivana heterozigotnost bila je najveća kod križanaca HOL x SIM (0,455) dok je najveća uočena heterozigotnost bila kod Hereford pasmine (0,625).

Tablica 8. Frekvencije alelnih varijanti, zapažena (*Ho*) i očekivana heterozigotnost (*He*) *FASN* gena po pasminama i križancima

Pasmina / križanac	n	Frekvencija alela		*Ho*	*He*	*Chi*
		G	A			
HOL x SIM	20	0,650	0,350	0,455	0,600	2,031
HOL x BB	20	0,750	0,250	0,375	0,400	0,089
HOL x PIE	20	0,625	0,375	0,469	0,450	0,032
HOL x LIM	20	0,600	0,400	0,480	0,600	1,250
SIM	8	0,750	0,250	0,375	0,500	0,888
HER	8	0,313	0,688	0,430	0,625	1,653
CH	8	0,750	0,250	0,375	0,250	0,889

U tablici 9. prikazane su frekvencije opaženih genotipova *SCD* gena. Od 104 istraživanjem obuhvaćene jedinke, kod njih 55 zapažen je TT genotip, 35 jedinki bilo je heterozigotnog CT genotipa te je kod 14 jedinki zapažen CC genotip. Frekvencija CC genotipa najveća je kod HOL x BB pasmine (0,360).

Tablica 9. Broj genotipova i frekvencije genotipova *SCD* gena po pasminama i križancima

	Broj opaženih genotipova				Frekvencije genotipova		
Pasmina / križanac	n	CC	CT	TT	CC	CT	TT
HOL x SIM	20	2	6	12	0,063	0,375	0,563
HOL x BB	20	9	6	5	0,360	0,480	0,160
HOL x PIE	20	0	6	14	0,023	0,255	0,723
HOL x LIM	20	0	6	14	0,023	0,255	0,723
SIM	8	1	5	2	0,191	0,492	0,316
HER	8	2	3	3	0,191	0,492	0,316
CH	8	0	3	5	0,035	0,305	0,660

U tablici 10. prikazana je frekvencija alela *SCD* gena istraživanih populacija. Zapažena je dominacija T alelnog oblika (frekvencija od 0,563 do 0,850), izuzev populacije križanaca HOL x BB u kojoj je dominirao C alelni oblik (0,600). Uočena heterozigotnost bila je najveća kod Simmental i Hereford pasmine (0,492).

Tablica 10. Frekvencije alelnih varijanti, zapažena (*Ho*) i očekivana heterozigotnost (*He*) *SCD* gena po pasminama i križancima

Pasmina / križanac	n	Frekvencija alela		*Ho*	*He*	*Chi*
		C	T			
HOL x SIM	20	0,250	0,750	0,375	0,300	0,800
HOL x BB	20	0,600	0,400	0,480	0,300	2,813
HOL x PIE	20	0,150	0,850	0,255	0,300	0,623
HOL x LIM	20	0,150	0,850	0,255	0,300	0,623
SIM	8	0,438	0,563	0,492	0,625	0,583
HER	8	0,438	0,563	0,492	0,375	0,454
CH	8	0,188	0,813	0,305	0,375	0,426

U tablici 11. prikazan je broj opaženih genotipova *GH* gena istraživanih populacija goveda. U ukupnom uzorku dominirao je CC genotip *GH* gena (63 jedinke), dok je GG genotip bio najmanje zastupljen (11 jedinki). Najveća frekvencija CC genotipa (0,856) bila je utvrđena kod križanaca HOL x BB pasmine, a najmanja kod Hereford pasmine (0,063).

Tablica 11. Broj genotipova i frekvencije genotipova *GH* gena po pasminama i križancima

		Broj opaženih genotipova			Frekvencija genotipova		
Pasmina / križanac	n	CC	CG	GG	CC	CG	GG
HOL x SIM	20	14	6	0	0,723	0,255	0,026
HOL x BB	20	17	3	0	0,856	0,139	0,006
HOL x PIE	20	14	4	2	0,640	0,320	0,040
HOL x LIM	20	10	8	2	0,490	0,420	0,090
SIM	8	4	2	2	0,391	0,469	0,141
HER	8	1	2	5	0,063	0,375	0,563
CH	8	3	5	0	0,047	0,430	0,098

U tablici 12. prikazane su frekvencije alela *GH* gena istraživanih populacija. Kod većine genotipova dominirala je C alelna varijanta *GH* gena s time da je najveća zastupljenost uočena kod HOL x BB križanaca (0,925). Najveća heterozigotnost zabilježena je kod Simmental pasmine (0,469), dok je očekivana heterozigotnost bila najveća kod Charolais pasmine (0,625).

Tablica 12. Frekvencije alelnih varijanti, zapažena (*Ho*) i očekivana heterozigotnost (*He*) *GH* gena po pasminama i križancima

Pasmina / križanac	n	Frekvencija alela		*Ho*	*He*	*Chi*
		C	G			
HOL x SIM	20	0,850	0,150	0,255	0,300	0,623
HOL x BB	20	0,925	0,075	0,139	0,150	0,131
HOL x PIE	20	0,800	0,200	0,320	0,200	2,813
HOL x LIM	20	0,700	0,300	0,420	0,400	0,045
SIM	8	0,625	0,375	0,469	0,250	1,742
HER	8	0,250	0,750	0,375	0,250	0,889
CH	8	0,688	0,313	0,430	0,625	1,653

4.2. Utjecaj polimorfizma *FASN*, *SCD* i *GH* gena na odlike trupa

Utjecaji polimorfizma *FASN*, *SCD* i *GH* gena na svojstva trupova junadi prikazani su u tablici 13. Utvrđeni genotipovi *FASN* gena nisu imali značajan učinak na EUROP klasifikaciju, masnoću trupova, na supkutano masno tkivo, masno i vezivno tkivo i na masno tkivo u MLD-u. *FASN*-AA genotip imao je najnižu EUROP ocjenu zamašćenosti i debljinu supkutanog masnog tkiva (2,58; 2,01 cm). *FASN*-GA genotip imao je najveću EUROP klasifikaciju, debljinu supkutanog masnog tkiva te masno tkivo u MLD-u (3,72; 3,02 cm i 2,64 %). *FASN*-GG genotip imao je najmanju ocjenu EUROP klasifikacije (3,45) i postotak masti u MLD-u (2,42 %). Različite kombinacije genotipova imale su značajan učinak na EUROP konformaciju i to kod *FASN*-GG genotip u odnosu na *FASN*-GA/AA (p=0,026) te *FASN*-GA genotipa u odnosu na *FASN*-GG/AA genotipove (p=0,036).

Masno i vezivno tkivo u dijelu rebara te masno tkivo u MLD-u bili su značajno najviši u *SCD*-TT genotipu (p=0,001; p=0,021). *SCD*-CC genotip imao je najveću vrijednost EUROP konformacije (3,75) i debljinu supkutanog masnog tkiva (2,86 cm). Najniže vrijednosti zamašćenosti trupa (2,69), debljine supkutanog masnog tkiva (2,65 cm), masnog i vezivnog tkiva (13,56) te masnog tkiva u MLD-u (2,18%) utvrđene su kod *SCD*-CT genotipa. Kombinacije *SCD*-CC vs. *SCD*-TT/TC i *SCD*-CT vs. *SCD*-TT/CC imale su značajan učinak na masno i vezivno tkivo u dijelu rebara (p=0,001; p=0,001) te masno tkivo u MLD-u (p=0,006; p=0,042).

Najniža vrijednost EUROP klasifikacije (3,53) i postotak masnog i vezivnog tkiva (15,75 %) utvrđen je kod *GH*-CC genotipa. Značajna vrijednost zamašćenosti trupa utvrđena je kod *SCD*-CG genotipa (p=0,004), kao i najveće vrijednosti za debljinu supkutanog masnog tkiva (3,18 cm), postotak masnog i vezivnog tkiva (16,51 %) i masnog tkiva u MLD-u (2,64 %). Utvrđeno je i da je EUROP stupanj zamašćenosti značajno niži kod *GH*-CG genotipa u odnosu na *GH*-CC/GG genotipove (p=0,003).

.

Tablica 13. Srednje vrijednosti (LSMEAN±SE i *p*-vrijednosti) zamašćenosti trupa obzirom na utjecaj *FASN*, *SCD* i *GH* genotipa

FASN genotip					*p*-vrijednost			
Odlike trupa	AA	GA	GG	*p*	GG vs. GA/AA	GG/GA vs. AA	GG/AA vs. GA	GG vs. AA
EUROP klasifikacija	3,58±0,172	3,72±0,079	3,45±0,089	0,081	0,026	0,874	0,036	0,547
EUROP ocjena zamašćenosti	2,58±0,166	2,80±0,076	2,82±0,085	0,434	0,768	0,220	0,716	0,335
Supkutano masno tkivo (cm)	2,01±0,431	3,02±0,197	2,63±0,221	0,121	0,391	0,147	0,074	0,225
Masno +vezivno tkivo (%)	15,79±0,93	15,72±0,42	16,35±0,48	0,603	0,235	0,774	0,488	0,705
Mast u MLD-u (%)	2,51±0,138	2,64±0,217	2,42±0,446	0,832	0,397	0,538	0,726	0,563
SCD genotip					*p*-vrijednost			
Odlike trupa	CC	CT	TT	*p*	TT vs. CT/CC	TT/TC vs. CC	TT/CC vs. CT	TT vs. CC
EUROP klasifikacija	3,75±0,152	3,72±0,100	3,48±0,075	0,095	0,040	0,265	0,129	0,132
EUROP ocjena zamašćenosti	2,79±0,145	2,69±0,096	2,84±0,072	0,454	0,525	0,840	0,231	0,802
Supkutano masno tkivo (cm)	2,86±0,379	2,65±0,249	2,77±0,188	0,885	0,647	0,874	0,844	0,866
Masno + vezivno tkivo (%)	15,32±0,82^{a}	13,56±0,54^{a}	17,69±0,41^{b}	0,001	0,001	0,387	0,001	0,028
Mast u MLD-u (%)	2,20±0,306^{a,b}	2,18±0,202^{b}	2,85±0,153^{a}	0,021	0,006	0,224	0,042	0,077
GH genotip					*p*-vrijednost			
Odlike trupa	CC	CG	GG	*p*	CC vs.CG/GG	GG vs.CG/CC	CG vs.CC/GG	CC vs. GG
EUROP klasifikacija	3,53±0,068	3,68±0,107	3,75±0,220	0,360	0,219	0,511	0,221	0,358
EUROP ocjena zamašćenosti	2,67±0,065^{a}	3,08±0,103^{b}	2,50±0,212^{a}	0,004	0,015	0,219	0,003	0,449
Supkutano masno tkivo (cm)	2,58±0,170	3,18±0,268	2,30±0,551	0,136	0,206	0,498	0,076	0,628
Masno + vezivno tkivo (%)	15,75±0,36	16,51±0,58	15,79±1,19	0,544	0,124	0,978	0,616	0,959
Mast u MLD-u (%)	2,50±0,138	2,64±0,217	2,42±0,446	0,832	0,510	0,874	0,809	0,862

EUROP klasifikacija konformacije: 1=P klasa 5=E klasa; EUROP ocjena zamašćenosti: 1=vrlo slaba, 5=vrlo jaka; masno tkivo +vezivno tkivo u dijelu 9 do 11 rebra; ^{a,b}=vrijednosti unutar reda označene različitim slovom značajno se razlikuju (*p*=0,05)

4.3. Utjecaj *FASN, SCD* i *GH* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina junadi

4.3.1. Utjecaj *FASN* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi

Utjecaj *FASN* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi prikazan je u tablici 14.

Tablica 14. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednosti) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa

Masna kiselina		*FASN* genotip			*p*
		GG	GA	AA	
C12:0	Laurinska	0,06±0,003	0,06±0,002	0,06±0,005	*0,958*
C14:0	Miristinska	2,49±0,089	2,62±0,080	2,60±0,157	*0,563*
C14:1	Miristoleinska	0,54±0,035	0,53±0,031	0,55±0,061	*0,973*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,013	0,37±0,011	0,35±0,022	*0,761*
C16:0	Palmitinska	24,00±0,264	24,50±0,236	24,54±0,467	*0,330*
C16:1	Palmitoleinska	3,59±0,101	3,68±0,090	3,87±0,178	*0,402*
C17:0	Heptadekanska	0,96±0,027	0,98±0,024	0,95±0,048	*0,848*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,80±0,031	0,77±0,027	0,83±0,060	*0,665*
C18:0	Stearinska	14,76±0,316	15,14±0,283	14,90±0,559	*0,657*
C18:1	Oleinska	37,06±0,471	37,20±0,422	37,64±0,833	*0,829*
C18:2 n-6	Linolna	7,32±0,413	6,61±0,370	6,56±0,730	*0,406*
C18:2 c9, t11	Konj. linolna	0,25±0,010	0,25±0,009	0,24±0,018	*0,902*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,004	0,04±0,004	0,04±0,008	*0,173*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,19±0,007	0,18±0,006	0,18±0,013	*0,264*
C18:4 n-3	Stearidonska	0,02±0,003	0,02±0,003	0,02±0,007	*0,901*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,06±0,002	0,05±0,004	*0,237*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,003^{a}	0,04±0,002^{b}	0,06±0,006^{a}	*0,013*
C20:0	Arahidska	0,09±0,003	0,08±0,003	0,08±0,005	*0,843*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,005	0,13±0,004	0,13±0,008	*0,247*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,09±0,004	0,08±0,004	0,01±0,008	*0,253*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,55±0,035	0,50±0,032	0,46±0,06	*0,339*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,43±0,168	2,17±0,150	2,18±0,296	*0,485*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,08±0,006	0,07±0,005	0,07±0,011	*0,524*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,003	0,02±0,003	0,01±0,008	*0,339*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,09±0,007	0,08±0,006	0,10±0,014	*0,227*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,50±0,032	0,43±0,029	0,48±0,063	*0,249*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,016	0,21±0,014	0,23±0,028	*0,542*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,003	0,02±0,003	0,02±0,006	*0,316*
C24:1 n-9	Nervonska	0,04±0,004^{a,b}	0,03±0,003^{a}	0,05±0,007^{b}	*0,029*

^{a,b}=vrijednosti unutar reda označene različitim slovom značajno se razlikuju (p=0,05)

Zapažena je povezanost *FASN*-AA genotipa sa sadržajem nekih masnih kiselina, nondecenske (0,06; *p*=0,013) i nervonske masne kiseline (0,05; *p*=0,029) Zasićene masne kiseline; miristinska, palmitinska i stearinska, imale su najmanji udio kod GG genotipa (2,49; 24,00; 14,76). Najmanji udio nondekanske masne kiseline utvrđen je kod *FASN*-AA genotipa (0,05), a arahidske masne kiseline kod *FASN*-GA genotipa (0,08). Miristoleinska, palmitoleinska i oleinska masna kiselina imale su najveći udio kod *FASN*-AA genotipa. Esencijalna masna kiselina, linolna te njezin derivat α-linolenska masna kiselina imale su najveće udjele kod *FASN*-GG genotipa 7,32 i 0,19. Konjugirana linolna i γ-linolenska masna kiselina imale su najveći udio kod *FASN*-GG genotipa. Eikosadienska, eikosatrienska arahidska i eikosapentaenska masna kiselina imale su veće udjele kod *FASN*-GG genotipa u odnosu na *FASN*-GA i *FASN*-AA genotip (0,09, 0,55, 0,09 i 0,23). Dokosatrienska (0,10) i dokosaheksaenska (0,05) masna kiselina najveće udjele imale su utvrđene kod *FASN*-AA genotipa.

Zbirni udjeli masnih kiselina pod utjecajem *FASN* polimorfizma prikazani su u tablici 15. Značajna razlika utvrđena je kod omjera ω-6/ω-3 masnih kiselina (*p*=0,001). Najmanji udio bio je zabilježen kod *FASN*-AA genotipa u odnosu na *FASN*-GG i *FASN*-GA genotip. Najmanji udio ukupnih zasićenih masnih kiselina opažen je kod jedinki *FASN*-GG genotipa (44,93) u odnosu na jedinke *FASN*-GA i *FASN*-AA genotipa (45,81 vs. 45,40). Najveći udio ukupnih nezasićenih masnih kiselina utvrđen je kod *FASN*-AA genotipa (42,80), dok je najveći udio polinezasićenih masnih kiselina bio utvrđen kod *FASN*-GG genotipa (11,70). Najveći omjer ω-3 ali i ω-6 masnih kiselina utvrđen je kod jedinki *FASN*-GG genotipa u odnosu na *FASN*-GA i *FASN*-AA genotip (ω-3; 0,61 vs. 0,55; 0,58) odnosno (ω-6; 10,82 vs. 9,71; 9,64). Omjeri MUFA/SFA, PUFA/SFA te PUFA/MUFA imali su najveći udio kod *FASN*-AA genotipa (MUFA/SFA; 1,03 vs. 1,008; 1,007) (PUFA/SFA; 0,33 vs. 0,29; 0,25), (PUFA/MUFA; 0,34 vs. 0,31; 0,26) u odnosu na *FASN*-GG i *FASN*-GA genotipove.

Tablica 15. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa

Zbirni udjeli masnih kiselina	*FASN* genotip			*p*
	GG	GA	AA	
SFA	44,93±0,387	45,81±0,346	45,40±0,683	*0,251*
MUFA	42,01±0,556	42,21±0,497	42,80±0,982	*0,783*
PUFA	11,70±0,659	10,52±0,590	10,47±1,164	*0,382*
n-3 PUFA	0,61±0,032	0,55±0,029	0,58±0,056	*0,327*
n-6 PUFA	10,82±0,632	9,71±0,565	9,64±1,117	*0,392*
n-6/n-3 PUFA	17,04±0,285^{a}	16,87±0,255^{a}	14,80±0,503^{b}	*0,001*
MUFA/SFA	0,94±0,015	0,92±0,013	0,95±0,026	*0,636*
PUFA/SFA	0,26±0,017	0,23±0,015	0,24±0,029	*0,510*
PUFA/MUFA	0,30±0,020	0,26±0,018	0,25±0,035	*0,415*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids); ^{a,b}=vrijednosti unutar reda označene različitim slovom značajno se razlikuju (p<0,05)

Utjecaj *FASN* genotipa na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi prikazan je u tablici 16. Veći udjeli zasićenih masnih kiselina; miristinske, palmitinske i stearinske utvrđeni su kod *FASN*-GA/AA genotipovima u odnosu na *FASN*-GG genotip (2,61; 24,51; 15,08 vs. 2,49; 24,00; 14,76%) kao i udjeli pentadekanske i heptadekanske kiseline (0,37; 0,97 vs. 0,37; 0,96%). Veći udjeli jednostruko nezasićenih masnih kiselina; miristoleinske, palmitoleinske te oleinske masne kiseline utvrđeni su kod *FASN*-GA/AA genotipova u odnosu na *FASN*-GG genotip (0,54; 3,72; 37,31 vs. 0,54; 3,59; 37,06%) Udio konjugirane linolne kiseline bio je jednak među genotipovima (0,25%), kao i udio eikosadienske kiseline (0,09%). *FASN*-GG genotip rezultirao je većim udjelom α-linolenske i γ-linolenske kiseline u odnosu na *FASN*-GA/AA genotipove (0,19; 0,05 vs. 0,18; 0,04%). Polinezasićene masne kiseline; steridonska, eikosatrienska, arahidonska, eikosapentaenska, dokosatrienska, dokosatetraenska, dokosapentraenska, te dokosaheksaenska imale su veće udjele kod *FASN*-GG genotipa u odnosu na *FASN*-GG/GA genotipove.

Tablica 16. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG vs. GA/AA)

Masna kiselina		*FASN* genotip		*p*
		GG	GA/AA	
C12:0	Laurinska	0,06±0,003	0,06±0,002	*0,967*
C14:0	Miristinska	2,49±0,089	2,61±0,071	*0,290*
C14:1	Miristoleinska	0,54±0,035	0,54±0,028	*0,951*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,013	0,37±0,010	*0,977*
C16:0	Palmitinska	24,00±0,264	24,51±0,212	*0,139*
C16:1	Palmitoleinska	3,59±0,101	3,72±0,081	*0,322*
C17:0	Heptadekanska	0,96±0,027	0,97±0,022	*0,865*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,80±0,031	0,78±0,025	*0,763*
C18:0	Stearinska	14,76±0,316	15,08±0,254	*0,424*
C18:1	Oleinska	37,06±0,471	37,31±0,378	*0,676*
C18:2 n-6	Linolna	7,32±0,413	6,60±0,331	*0,182*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,25±0,010	0,25±0,008	*0,695*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,004	0,04±0,003	*0,070*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,19±0,007	0,18±0,006	*0,121*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,003	0,02±0,003	*0,881*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,06±0,002	*0,755*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,003	0,04±0,002	*0,147*
C20:0	Arahidska	0,09±0,003	0,08±0,002	*0,615*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,005	0,13±0,004	*0,111*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,09±0,004	0,09±0,004	*0,953*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,55±0,035	0,49±0,028	*0,162*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,43±0,168	2,17±0,135	*0,235*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,08±0,006	0,07±0,005	*0,270*
C22:0	Behenska	0,01±0,001	0,02±0,001	*0,351*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,003	0,02±0,003	*0,234*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,09±0,007	0,08±0,006	*0,374*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,50±0,032	0,44±0,026	*0,147*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,016	0,21±0,013	*0,448*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,003	0,02±0,003	*0,170*
C24:1 n-9	Nervonska	0,04±0,004	0,03±0,003	*0,599*

U tablici 17. prikazan je utjecaj *FASN* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u MLD-u junadi istraživanih pasmina. Zbirni udio zasićenih masnih kiselina bio je veći kod *FASN*-GA/AA genotipova u odnosu na *FASN*-GG genotip (45,71 vs. 44,93%). Nezasićene masne kiseline imale su utvrđeni viši udio kod *FASN*-GA/AA genotipa u odnosu na *FASN*-GG genotip (42,35 vs. 42,01%), dok su polinezasićene masne kiseline imale viši udio kod *FASN*-GG genotipa (11,70 vs. 10,51%). Udio ω-3 i ω-6 masnih kiselina nije se značajno razlikovao, ali ga je u oba

slučaja bilo više kod *FASN*-GG genotipa u odnosu na *FASN*-GG/GA genotipove (0,61; 10,80 vs. 0,56; 9,70%). Omjer ω-6/ω-3 PUFA bio je niži kod *FASN*-GA/AA genotipa (16,37 vs. 17,04%). Nisu utvrđene značajne razlike u omjerima: MUFA/SFA, PUFA/SFA i PUFA/MUFA masnih kiselina.

Tablica 17. Sadržaja zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG vs. GA/AA)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*FASN* genotip		*p*
	GG	GA/AA	
SFA	44,93±0,387	45,71±0,310	*0,125*
MUFA	42,01±0,556	42,35±0,446	*0,630*
PUFA	11,70±0,659	10,51±0,528	*0,168*
n-3 PUFA	0,61±0,032	0,56±0,026	*0,167*
n-6 PUFA	10,82±0,632	9,70±0,507	*0,174*
n-6/n-3 PUFA	17,04±0,285	16,37±0,228	*0,074*
MUFA/SFA	0,94±0,015	0,93±0,012	*0,658*
PUFA/SFA	0,26±0,017	0,24±0,013	*0,257*
PUFA/MUFA	0,30±0,020	0,26±0,016	*0,191*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

U tablici 18. prikazan je utjecaj *FASN* genotipa na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi. Značajan utjecaj ($p<0,05$) utvrđen je kod nondecenske kiseline kod jedinki *FASN*-AA genotipa u odnosu na *FASN*-GG/GA genotipove (0,06 vs. 0,04%). Veći udjeli zasićenih masnih kiselina, odnosno miristinske, palmitinske i stearinske masne kiseline bio je veći kod jedinki *FASN*-AA genotipa (2,60; 24,54; 14,97 vs. 2,56; 24,27; 14,90%) u odnosu na *FASN*-GG/GA genotipove. Nezasićena oleinska masna kiselina veći udio je također imala kod *FASN*-AA genotipa u odnosu na *FASN*-GG/GA genotipove (37,64 vs. 37,14%), dok je linolna kiselina veći udio imala kod *FASN*-GG/GA genotipova (6,93 vs. 6,56%), kao i njezin derivat, konjugirana linolna kiselina (0,25 vs. 0,24%). α-linolenska i γ-linolenska mono nezasićena masna kiselina veći udio utvrđen je kod *FASN*-GG/GA genotipova (0,18; 0,05), a steridonska masna kiselina podjednake udjele kod svih genotipova (0,02).

Tablica 18. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG/GA vs. AA)

Masna kiselina		*FASN* genotip		*p*
		GG/GA	AA	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,06±0,005	*0,778*
C14:0	Miristinska	2,56±0,059	2,60±0,157	*0,783*
C14:1	Miristoleinska	0,54±0,023	0,55±0,061	*0,851*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,008	0,35±0,022	*0,488*
C16:0	Palmitinska	24,27±0,176	24,54±0,467	*0,592*
C16:1	Palmitoleinska	3,64±0,067	3,87±0,178	*0,226*
C17:0	Heptadekanska	0,97±0,018	0,95±0,048	*0,657*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,78±0,021	0,83±0,060	*0,493*
C18:0	Stearinska	14,97±0,211	14,90±0,559	*0,909*
C18:1	Oleinska	37,14±0,314	37,64±0,833	*0,573*
C18:2 n-6	Linolna	6,93±0,276	6,56±0,730	*0,637*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,25±0,007	0,24±0,018	*0,723*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,003	0,04±0,008	*0,789*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,18±0,005	0,18±0,013	*0,908*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,002	0,02±0,007	*0,651*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,001	0,05±0,004	*0,097*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,04±0,002	0,06±0,006	*0,031*
C20:0	Arahidska	0,08±0,002	0,08±0,005	*0,931*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,003	0,13±0,008	*0,298*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,09±0,003	0,10±0,008	*0,130*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,52±0,024	0,46±0,062	*0,360*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,29±0,112	2,18±0,296	*0,744*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,08±0,004	0,07±0,011	*0,857*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,002	0,01±0,008	*0,269*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,08±0,005	0,10±0,014	*0,282*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,46±0,021	0,48±0,063	*0,800*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,22±0,010	0,23±0,028	*0,639*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,002	0,02±0,006	*0,270*
C24:1 n-9	Nervonska	0,03±0,003	0,05±0,007	*0,021*

Zbirni udjeli *FASN* genotipa masnih kiselina prikazani su u tablici 19. U tablici 19. uočena je značajna razlika ($p<0,001$) u omjeru ω-6/ω-3 polinezasićenih masnih kiselina u jedinki s *FASN*-AA genotipom u odnosu na jedinke *FASN*-GG/GA genotipa (14,80 vs. 16,95%). Ukupne zasićene masne kiseline imale su veći udio kod *FASN*-GG/GA genotipova u odnosu na *FASN*-AA genotip (45,41 vs. 45,40%) kao i polinezasićene masne kiseline (11,60 vs. 10,47%), dok su mononezasićene masne kiseline imale veći udio kod *FASN*-AA genotipa (42,80 vs. 42,12%). Udio ω-3 i ω-6 polinezasićenih masnih kiselina bio je veći kod *FASN*-GG/GA

genotipova (0,58; 10,22 vs. 0,58; 9,64%). Omjeri PUFA/SFA i PUFA/MUFA su bili veći kod *FASN*-GG/GA genotipova u odnosu na *FASN*-AA genotip (0,25; 0,28 vs. 0,24; 0,25%) dok je omjer MUFA/SFA bio veći kod *FASN*-GG/GA genotipova (0,95 vs. 0,93).

Tablica 19. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG/GA vs. AA)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*FASN* genotip		*p*
	GG/GA	AA	
SFA	45,41±0,258	45,40±0,683	*0,993*
MUFA	42,12±0,371	42,80±0,982	*0,520*
PUFA	11,06±0,440	10,47±1,164	*0,638*
n-3 PUFA	0,58±0,021	0,58±0,056	*0,994*
n-6 PUFA	10,22±0,422	9,64±1,117	*0,629*
n-6/n-3 PUFA	16,95±0,190	14,80±0,503	*<0,001*
MUFA/SFA	0,93±0,010	0,95±0,026	*0,537*
PUFA/SFA	0,25±0,011	0,24±0,029	*0,827*
PUFA/MUFA	0,28±0,013	0,25±0,035	*0,518*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

Utjecaj *FASN* genotipa na masne kiseline u mesu junadi prikazani su u tablici 20. Značajni utjecaj ($p<0,05$) utvrđen je kod nondekanske zasićene masne kiseline gdje je veći udio utvrđen u jedinki *FASN*-GG/AA genotipova u odnosu na *FASN*-GA genotip (0,05 vs. 0,04%) te kod dokosaheksaenske polinezasićene masne kiseline (0,04 vs. 0,03). Zasićene masne kiseline, odnosno miristinska, palmitinska i stearinska masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *FASN*-GA genotipa u odnosu na *FASN*-GG/AA genotipove (2,62; 24,50; 15,14 vs. 2,52; 24,15; 14,80%). Oleinska kiselina imala je neznatno veći udio kod *FASN*-GG/AA genotipova nego kod *FASN*-GA genotipa (37,22 vs. 37,20%). Konjugirana linolna kiselina kao i njezini derivati α-linoleinska te γ-linoleinska imali su veći udio kod *FASN*-GG/AA genotipova nego kod *FASN*-GA genotipa (0,25; 0,19; 0,05 vs. 0,25; 0,18, 0,04%). Polinezasićene masne kiseline sa 20 C atoma; eikosadienska, eikosatrienska, te arahidonska imale su utvrđen veći udio kod *FASN*-GG/AA genotipova u odnosu na jedinke *FASN*-GA genotipa (0,09; 0,53; 2,36 vs. 0,08; 0,50; 2,17%). Ostale polinezasićene masne kiseline sa 22 C atoma; dokosatrienska, dokosatetraenska te dokosapentaenska masna kiselina imale su utvrđen veći udio kod *FASN*-GG/AA genotipova nego kod *FASN*-GA genotipa (0,050; 0,23; 0,02 vs. 0,43; 0,21; 0,02%).

Tablica 20. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG/AA vs. GA)

Masna kiselina		*FASN* genotip		*p*
		GG/AA	GA	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,06±0,002	*0,859*
C14:0	Miristinska	2,52±0,078	2,62±0,080	*0,408*
C14:1	Miristoleinska	0,54±0,030	0,53±0,031	*0,838*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,011	0,37±0,011	*0,612*
C16:0	Palmitinska	24,15±0,231	24,50±0,236	*0,294*
C16:1	Palmitoleinska	3,67±0,088	3,68±0,090	*0,973*
C17:0	Heptadekanska	0,96±0,024	0,98±0,024	*0,611*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,80±0,028	0,77±0,027	*0,425*
C18:0	Stearinska	14,80±0,276	15,14±0,283	*0,384*
C18:1	Oleinska	37,22±0,412	37,20±0,422	*0,979*
C18:2 n-6	Linolna	7,11±0,361	6,61±0,370	*0,341*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,25±0,009	0,25±0,009	*0,912*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,004	0,04±0,004	*0,106*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,19±0,006	0,18±0,006	*0,152*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,003	0,02±0,003	*0,908*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,06±0,002	*0,361*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,003	0,04±0,002	*0,007*
C20:0	Arahidska	0,09±0,003	0,08±0,003	*0,576*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,004	0,13±0,004	*0,438*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,09±0,004	0,08±0,004	*0,218*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,53±0,031	0,50±0,032	*0,499*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,36±0,146	2,17±0,150	*0,359*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,08±0,005	0,07±0,005	*0,344*
C22:0	Behenska	0,01±0,001	0,02±0,001	*0,351*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,003	0,02±0,003	*0,655*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,09±0,006	0,08±0,006	*0,100*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,50±0,029	0,43±0,029	*0,107*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,014	0,21±0,014	*0,272*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,02±0,003	0,02±0,003	*0,595*
C24:1 n-9	Nervonska	0,04±0,004	0,03±0,003	*0,029*

Sadržaji zbirnih udjela masnih kiselina obzirom na utjecaj *FASN* genotipa prikazani su u tablici 21. Udio ukupnih zasićenih masnih kiselina bio veći kod jedinki *FASN*-GA genotipa u odnosu na *FASN*-GG/AA genotipove (45,81 vs. 45,06%). Zbirni udio nezasićenih masnih kiselina, polinezasićenih masnih kiselina, ω-3 i ω-6 polinezasićene masne kiseline, omjer ω-6/ω-3 polinezasićenih masnih kiselina bio je veći kod GG/AA genotipova u odnosu na *FASN*-GA

genotip. Omjeri između MUFA/SFA, PUFA/SFA, PUFA/MUFA imali su veći udio kod GG/AA genotipova (0,95; 0,25; 0,27 vs. 0,93; 0,23; 0,25%) u odnosu na *FASN*-GA genotip.

Tablica 21. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG/AA vs. GA)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*FASN* genotip		*p*
	GG/AA	GA	
SFA	45,06±0,338	45,81±0,346	*0,130*
MUFA	42,23±0,485	42,21±0,497	*0,981*
PUFA	11,36±0,575	10,52±0,590	*0,319*
n-3 PUFA	0,60±0,028	0,55±0,029	*0,174*
n-6 PUFA	10,49±0,552	9,71±0,565	*0,332*
n-6/n-3 PUFA	16,42±0,249	16,87±0,255	*0,207*
MUFA/SFA	0,94±0,013	0,92±0,013	*0,365*
PUFA/SFA	0,25±0,014	0,23±0,015	*0,344*
PUFA/MUFA	0,28±0,018	0,26±0,018	*0,428*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

U tablici 22. prikazan je utjecaj *FASN* genotipa na masne kiseline u mesu junadi. Zasićene masne kiseline; miristinska, palmitinska i stearinska imale su veći udio kod jedinki *FASN*-AA genotipa u odnosu na *FASN*-GG genotip (2,60; 24,54; 14,90 vs. 2,49; 24,00; 14,76%) kao i jednostruko nezasićene masne kiseline; miristoleinska, palmitoleinska i oleinska (0,55; 3,87; 37,64 vs. 0,54; 3,59; 37,06%). Masne kiseline sa 18 C atoma imale su veći udio kod jedinki *FASN*-GG genotipa odnosno linolna, konjugirana linolna, α-linoleinska, γ-linolenska i steridonska masna kiselina (7,32; 0,25; 0,05; 0,19; 0,02 vs. 6,56; 0,24; 0,04; 0,18; 0,02%). Masne kiseline s 20 C atoma; eikosatrienska, arahidonska i eikosapentaenska imale su veći udio kod jedinki *FASN*-GG genotipa (0,55; 2,43; 0,08 vs. 0,46; 2,18; 0,07%). Sličan rezultat utvrđen je i kod masnih kiselina sa 22 C atoma gdje su dokosadienska, dokosatetraenska i dokosaheksaenska masna kiselina imale veći udio kod *FASN*-GG genotipa (0,28; 0,50; 0,03 vs. 0,16; 0,48; 0,02%), a dokosatrienska je imala veći udio kod *FASN*-AA genotipa (0,10 vs. 0,9%).

Tablica 22. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG vs. AA)

Masna kiselina		*FASN* genotip		*p*
		GG	AA	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,06±0,003	*0,737*
C14:0	Miristinska	2,49±0,082	2,60±0,144	*0,499*
C14:1	Miristoleinska	0,54±0,031	0,55±0,054	*0,889*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,015	0,35±0,026	*0,632*
C16:0	Palmitinska	24,00±0,244	24,54±0,431	*0,289*
C16:1	Palmitoleinska	3,59±0,102	3,87±0,181	*0,199*
C17:0	Heptadekanska	0,96±0,032	0,95±0,057	*0,812*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,80±0,033	0,83±0,065	*0,677*
C18:0	Stearinska	14,76±0,236	14,90±0,417	*0,770*
C18:1	Oleinska	37,06±0,481	37,64±0,849	*0,556*
C18:2 n-6	Linolna	7,32±0,410	6,56±0,724	*0,377*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,25±0,011	0,24±0,020	*0,701*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,005	0,04±0,010	*0,499*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,19±0,006	0,18±0,011	*0,446*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,003	0,02±0,006	*0,615*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,05±0,003	*0,072*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,003	0,06±0,007	*0,228*
C20:0	Arahidska	0,09±0,003	0,08±0,004	*0,880*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,004	0,13±0,006	*0,077*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,09±0,005	0,10±0,008	*0,281*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,55±0,033	0,46±0,059	*0,193*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,43±0,174	2,18±0,307	*0,492*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,08±0,006	0,07±0,011	*0,585*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,28±0,003	0,16±0,006	*0,126*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,09±0,006	0,10±0,012	*0,522*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,50±0,035	0,48±0,067	*0,777*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,016	0,23±0,029	*0,941*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,004	0,02±0,007	*0,247*
C24:1 n-9	Nervonska	0,04±0,004	0,05±0,008	*0,121*

U tablici 23. prikazan je utjecaj *FASN* genotipa na zbirni udio masnih kiselina u mesu junadi. Značajni utjecaj ($p<0,05$) imao je omjer ω-6 i ω-3 polinezasićenih masnih kiselina gdje je niži udio utvrđen kod jedinki *FASN*-AA genotipa u odnosu na *FASN*-GG genotip (14,80 vs. 17,04%). Udio ukupnih zasićenih masnih kiselina bio je veći kod jedinki *FASN*-AA genotipa (45,40 vs. 44,93%). Udio ukupnih nezasićenih masnih kiselina, bio je veći kod jedinki *FASN*-AA genotipa (42,80 vs. 42,01%), dok je udio polinezasićenih masnih kiselina bio veći kod jedinki *FASN*-GG genotipa (11,70 vs. 10,47%). Veći udio i ω-3 i ω-6 masnih kiselina bio je veći

kod *FASN*-GG genotipa (0,61; 10,82 vs. 0,58; 9,64%). Omjeri MUFA/SFA bio je veći kod *FASN*-GG genotipa (0,95 vs. 0,94%), dok je omjer PUFA/SFA i PUFA/MUFA bio veći kod *FASN*-GG genotipa (0,26; 0,30 vs. 0,24; 0,25%).

Tablica 23. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *FASN* genotipa (GG vs. AA)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*FASN* genotip		*p*
	GG	AA	
SFA	44,93±0,295	45,40±0,521	*0,443*
MUFA	42,01±0,543	42,80±0,959	*0,483*
PUFA	11,70±0,662	10,47±1,169	*0,374*
n-3 PUFA	0,61±0,032	0,58±0,056	*0,596*
n-6 PUFA	10,82±0,640	9,64±1,130	*0,376*
n-6/n-3 PUFA	17,04±0,307	14,80±0,543	*0,002*
MUFA/SFA	0,94±0,013	0,95±0,023	*0,714*
PUFA/SFA	0,26±0,017	0,24±0,029	*0,546*
PUFA/MUFA	0,30±0,021	0,25±0,038	*0,345*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

4.3.2. Utjecaj *SCD* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi

U tablici 24. prikazan je utjecaj *SCD* genotipa na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi. Zasićene masne kiseline miristinska (2,67) i palmitinska (25,41; *p*=0,018) masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *SCD*-TT genotipa u odnosu na *SCD*-CC i *SCD*-CT genotip (2,61; 24,38; vs. 2,47; 23,83). Stearinska masna kiselina imala je značajno (*p*=0,001) veći udio kod jedinki *SCD*-CT genotipa u odnosu na *SCD*-CC i *SCD*-TT genotip (15,89 vs. 14,15; 15,31). Nondekanska zasićena masna kiselina imala je veći udio kod jedinki *SCD*-TT genotipa (0,06) kao i arahidonska masna kiselina (0,09; *p*=0,001). Predominantne nezasićene masne kiseline; miristoleinska i značajna palmitoleinska (*p*=0,002) najveće udjele imale su utvrđene kod jedinki *SCD*-CC genotipa (0,58; 3,91 vs. 0,50; 3,39) u odnosu na *SCD*-CT i *SCD*-TT genotip, dok je oleinska masna kiselina najveći udio imala kod jedinki *SCD*-TT genotipa. Esencijalna masna kiselina; linolna nezasićena masna kiselina te njezin derivat; α-linolenska masna kiselina, kao i γ-linolenska i stearidonska masna kiselina imale su veći udio kod *SCD*-CT genotipa (7,25; 0,19; 0,05; 0,03) u odnosu na druge genotipove. Nezasićene masne kiseline sa 20 C atoma; eikosadienska (*p*=0,002), eikosatrienska, arahidonska (*p*=0,001) i eikosapentaenska masna kiselina imale su veći udio utvrđen kod *SCD*-CT genotipa u odnosu na homozigotne genotipove *SCD*-CC i *SCD*-TT. Nezasićene masne kiseline sa 22 C atoma; dokosadienska,

dokosatrienska, dokosatetraenska, dokosapentaenska i dokosaheksaenska masna kiselina imale su najveće udjele utvrđene kod jedinki *SCD*-CT genotipa (0,02; 0,09; 0,50; 0,23; 0,03).

Tablica 24. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa

Masna kiselina		*SCD* genotip			*p*
		CC	CT	TT	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,05±0,003	0,06±0,005	*0,315*
C14:0	Miristinska	2,61±0,077	2,47±0,094	2,67±0,152	*0,398*
C14:1	Miristoleinska	0,58±0,030	0,50±0,036	0,49±0,059	*0,167*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,011	0,37±0,013	0,38±0,022	*0,872*
C16:0	Palmitinska	24,38±0,230^{a}	23,83±0,278^{b}	25,41±0,453^{a,b}	*0,018*
C16:1	Palmitoleinska	3,91±0,088^{a,b}	3,39±0,106^{a}	3,62±0,173^{b}	*0,002*
C17:0	Heptadekanska	0,94±0,024	1,00±0,029	0,99±0,047	*0,309*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,83±0,026	0,75±0,035	0,72±0,053	*0,083*
C18:0	Stearinska	14,15±0,276^{a,b}	15,89±0,333^{a}	15,31±0,542^{b}	*0,001*
C18:1	Oleinska	37,60±0,411	36,45±0,496	37,91±0,808	*0,152*
C18:2 n-6	Linolna	6,92±0,360	7,25±0,435	5,65±0,708	*0,167*
C18:2 c9, t11	Konj. linolna	0,25±0,009	0,24±0,011	0,27±0,017	*0,415*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,003	0,05±0,005	0,04±0,007	*0,503*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,18±0,006	0,19±0,007	0,16±0,012	*0,085*
C18:4 n-3	Stearidonska	0,02±0,002	0,03±0,004	0,02±0,008	*0,574*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,06±0,002	0,06±0,004	*0,982*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,002	0,04±0,003	0,04±0,007	*0,067*
C20:0	Arahidska	0,08±0,003^{a,b}	0,09±0,003^{a}	0,09±0,005^{b}	*0,001*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,004	0,12±0,005	0,12±0,008	*0,953*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,08±0,004^{a}	0,10±0,005^{b}	0,07±0,008^{a}	*0,002*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,52±0,031	0,53±0,037	0,43±0,061	*0,341*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,30±0,146	2,40±0,177	1,81±0,288	*0,225*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,07±0,005	0,08±0,006	0,06±0,010	*0,131*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,003	0,02±0,004	0,02±0,006	*0,508*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,08±0,006	0,09±0,008	0,07±0,012	*0,302*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,45±0,027	0,50±0,036	0,43±0,055	*0,408*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,014	0,23±0,016	0,19±0,027	*0,377*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,02±0,003	0,03±0,004	0,02±0,006	*0,180*
C24:1 n-9	Nervonska	0,03±0,003	0,03±0,004	0,05±0,008	*0,276*

^{a,b}=vrijednosti unutar reda označene različitim slovom značajno se razlikuju (*p*=0,05)

Utjecaj *SCD* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u MLD-u junadi prikazan je u tablici 25. Zbirni udio zasićenih masnih kiselina imao je značajno (*p*=0,012) veći udio kod TT genotipa u odnosu na *SCD*-CC i *SCD*-CT genotip (46,92 vs. 44,73; 45,77%). Zbirni udio nezasićenih

masnih kiselina značajno je utvrđen kod jedinki *SCD*-CC genotipa (42,98%; *p*=0,046) dok je zbirni udio polinezasićenih masnih kiselina imao veći udio kod heterozigotnog *SCD*-CT genotipa (11,53%). Zbirni udio ω-3, kao i ω-6 masnih kiselina bio je najveći kod *SCD*-CT genotipa u odnosu na CC i TT genotip (0,60; 10,67 vs. 0,59;10,22; i 0,48; 8,30%). Omjer ω-6/ω-3 masnih kiselina bio je manji kod jedinki *SCD*-TT genotipa u odnosu na *SCD*-CT i *SCD*-CC genotip (16,25 vs. 16,50; 16,83%). Omjer MUFA/SFA bio je veći kod *SCD*-CC genotipa (0,97%), dok je omjer PUFA/SFA i PUFA/MUFA bio veći kod *SCD*-CT genotipa (0,26 i 0,30%).

Tablica 25. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa

Zbirni udjeli masnih kiselina	*SCD* genotip			*p*
	CC	CT	TT	
SFA	44,73±0,337^{a}	45,77±0,407^{a,b}	46,92±0,663^{b}	*0,012*
MUFA	42,98±0,484^{a,b}	41,05±0,585^{a}	42,71±0,953^{b}	*0,046*
PUFA	11,07±0,574	11,53±0,694	9,06±1,130	*0,186*
n-3 PUFA	0,59±0,028	0,60±0,034	0,48±,055	*0,147*
n-6 PUFA	10,22±0,551	10,67±,665	8,30±1,084	*0,186*
n-6/n-3 PUFA	16,83±0,248	16,50±0,300	16,25±0,488	*0,491*
MUFA/SFA	0,97±0,013^{b,c}	0,90±0,016^{b,c}	0,91±0,025^{a}	*0,005*
PUFA/SFA	0,25±0,014	0,26±0,017	0,19±0,028	*0,149*
PUFA/MUFA	0,27±0,017	0,30±0,021	0,21±0,034	*0,123*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids); ^{a,b,c}=vrijednosti unutar reda označene različitim slovom značajno se razlikuju (*p*<0,05)

Utjecaj *SCD* genotipa na sadržaj masnih kiselina u junećem mesu prikazan je u tablici 26. Značajni utjecaj utvrđen je za sadržaj zasićenih i nezasićenih masnih kiselina, od p<0,001 do p=0,035. Zasićene masne kiseline, miristinska i palmitinska masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *SCD*-TT genotipa (2,61; 24,38; vs. 2,52; 24,25%) u odnosu na *SCD*-CC/CT genotipove. Stearinska zasićena masna kiselina imala je utvrđeni veći udio kod *SCD*-CC/CT genotipova (15,74 vs. 14,15%; *p*<0,001) u odnosu na jedinke *SCD*-TT genotipa. Nondekanska i arahidska zasićena masna kiselina (*p*<0,001) imale su veće udjele kod *SCD*-CC/CT genotipova u odnosu na *SCD*-TT genotip (0,06; 0,09 vs. 0,06; 0,08%). Linolna, kao i druge masne kiseline sa 18 C atoma, α-linolenska i γ-linolenska kiselina imale su veći udio kod *SCD*-TT genotipa (6,92; 0,05; 0,18 vs. 6,83; 0,05; 0,18%) dok je stearidonska masna kiselina imala veći udio kod *SCD*-CC/CT genotipova (0,03 vs. 0,02%). Masne kiseline sa 20 C atoma; eikosatrienska i arahidonska imale su utvrđeni veći udio kod *SCD*-TT genotipa (0,52; 2,30 vs. 0,41; 2,24%) dok je dokosadienska bila podjednaka kod oba genotipa (0,02%). Dokosatrienska je imala veći udio kod *SCD*-CC/CT genotipova (0,09 vs. 0,08%), a ostale masne kiseline sa 22C atoma, dokosatetraenska i dokosaheksaenska imale su veći udio kod

SCD-CC/CT genotipa (0,48; 0,03 vs. 0,45; 0,02%), a dokosapentaenska kod *SCD*-TT genotipa (0,23 vs. 0,21%).

Tablica 26. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT vs. CC/CT)

Masna kiselina		*SCD* genotip		*p*
		TT	CC/CT	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,06±0,002	*0,154*
C14:0	Miristinska	2,61±0,077	2,52±0,080	*0,434*
C14:1	Miristoleinska	0,58±0,030	0,50±0,031	*0,062*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,011	0,37±0,011	*0,634*
C16:0	Palmitinska	24,38±0,230	24,25±0,237	*0,686*
C16:1	Palmitoleinska	3,91±0,088	3,45±0,090	*0,001*
C17:0	Heptadekanska	0,94±0,024	0,99±0,024	*0,129*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,83±0,026	0,74±0,029	*0,035*
C18:0	Stearinska	14,15±0,276	15,74±0,284	*<0,001*
C18:1	Oleinska	37,60±0,411	36,84±0,423	*0,206*
C18:2 n-6	Linolna	6,92±0,360	6,83±0,371	*0,860*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,25±0,009	0,25±0,009	*0,749*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,003	0,05±0,004	*0,933*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,18±0,006	0,18±0,006	*0,586*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,002	0,03±0,003	*0,886*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,06±0,002	*0,974*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,002	0,04±0,003	*0,022*
C20:0	Arahidska	0,08±0,003	0,09±0,003	*<0,001*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,004	0,12±0,004	*0,791*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,08±0,004	0,09±0,004	*0,033*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,52±0,031	0,51±0,032	*0,786*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,30±0,146	2,24±0,151	*0,794*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,07±0,005	0,08±0,005	*0,712*
C22:0	Behenska	0,02±0,001	0,01±0,001	*0,009*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,003	0,02±0,003	*0,320*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,08±0,006	0,09±0,007	*0,755*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,45±0,027	0,48±0,030	*0,396*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,014	0,21±0,014	*0,565*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,02±0,003	0,03±0,003	*0,571*
C24:1 n-9	Nervonska	0,03±0,003	0,04±0,004	*0,339*

U tablici 27. prikazan je utjecaj *SCD* genotipa na masne kiseline u junećem mesu. Značajan utjecaj na zbirne udjele masnih kiselina utvrđen je kod zasićenih i mononezasićenih masnih kiselina. Ukupne zasićene masne kiseline (*p*=0,008) imale veći udio kod *SCD*-CC/CT

genotipova (46,07 vs. 44,73%), mononezasićene (42,98 vs. 41,49%; *p*=0,039), i polinezasićene masne kiseline (11,07 vs. 10,87%) imale su kod jedinki *SCD*-TT genotipa. Udio ω-3 ukupnih masnih kiselina, ω-6 masnih kiselina kao i njihov omjer, bio je veći kod *SCD*-TT genotipa (0,59; 10,22; 16,83 vs. 0,57; 10,04; 16,43%) u odnosu na *SCD*-CC/CT genotip. Omjer PUFA/SFA bio je veći kod jedinki *SCD*-TT genotipa (0,25 vs. 0,24%) dok je omjer PUFA/MUFA bio kod *SCD*-CC/CT genotipova (0,28 vs. 0,27%).

Tablica 27. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT vs. CC/CT)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*SCD* genotip		*p*
	TT	CC/CT	
SFA	44,73±0,337	46,07±0,347	*0,008*
MUFA	42,98±0,484	41,49±0,499	*0,039*
PUFA	11,07±0,574	10,87±0,591	*0,814*
n-3 PUFA	0,59±0,028	0,57±0,029	*0,670*
n-6 PUFA	10,22±0,551	10,04±0,567	*0,819*
n-6/n-3 PUFA	16,83±0,248	16,43±0,255	*0,273*
MUFA/SFA	0,97±0,013	0,90±0,013	*0,001*
PUFA/SFA	0,25±0,014	0,24±0,015	*0,749*
PUFA/MUFA	0,27±0,017	0,28±0,018	*0,863*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

Utjecaj *SCD* genotipa na sadržaj masnih kiselina u mesu junadi prikazan je u tablici 28. Miristinska, palmitinska (*p*=0,014) i stearinska zasićena masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *SCD*-CC genotipa (2,67; 25,41; 15,31 vs. 2,55; 24,14; 14,90%) u odnosu na *SCD*-TT/CC genotipove. Nondekanska i arahidska zasićena masna kiselina imale su zabilježen veći udio kod *SCD*-CC genotipa u odnosu na *SCD*-TT/TC genotipove (0,06; 0,09 vs. 0,06; 0,08%). Mononezasićene masne kiseline, miristoleinska i palmitoleinska imale su veći udio kod *SCD*-TT/TC genotipova (0,55; 3,68; vs. 0,49; 3,62%), dok je oleinska imala veći udio kod jedinki *SCD*-CC genotipa (37,91 vs. 37,10%). Ostale masne kiseline sa 18 C atoma; linolna, α-linoleinska i γ-linolenska te stearidonska polinezasićena masna kiselina imale su veći udio kod *SCD*-TT/TC genotipova. Masne kiseline sa 20 C atoma, odnosno, eikosadienska, eikosatrienska, arahidonska i eikosapentenska imale su veći udio kod *SCD*-TT/TC genotipa (0,09; 0,52; 2,34; 0,08 vs. 0,07; 0,43; 1,81; 0,06%). Masne kiseline sa 22 C atoma; dokosadienska, dokosatrienska, dokosatetraenska, dokosapentaenska i dokosaheksaenska kiselina imale su veći udio kod *SCD*-TT/TC genotipa u odnosu na *SCD*-CC genotip.

Tablica 28. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT/TC vs. CC)

Masna kiselina		*SCD* genotip		*p*
		TT/TC	CC	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,06±0,005	*0,947*
C14:0	Miristinska	2,55±0,060	2,67±0,152	*0,460*
C14:1	Miristoleinska	0,55±0,023	0,49±0,059	*0,349*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,009	0,38±0,022	*0,709*
C16:0	Palmitinska	24,14±0,178	25,41±0,453	*0,014*
C16:1	Palmitoleinska	3,68±0,068	3,62±0,173	*0,747*
C17:0	Heptadekanska	0,96±0,018	0,99±0,047	*0,646*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,80±0,021	0,72±0,053	*0,145*
C18:0	Stearinska	14,90±0,213	15,31±0,542	*0,484*
C18:1	Oleinska	37,10±0,317	37,91±0,808	*0,358*
C18:2 n-6	Linolna	7,07±0,278	5,65±0,708	*0,071*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,24±0,007	0,27±0,017	*0,192*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,003	0,04±0,007	*0,303*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,19±0,005	0,16±0,012	*0,070*
C18:4 n-3	Steridonska	0,03±0,002	0,02±0,008	*0,347*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,001	0,06±0,004	*0,853*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,04±0,002	0,04±0,007	*0,661*
C20:0	Arahidska	0,08±0,002	0,09±0,005	*0,889*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,003	0,12±0,008	*0,806*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,09±0,003	0,07±0,008	*0,046*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,52±0,024	0,43±0,061	*0,153*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,34±0,113	1,81±0,288	*0,094*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,08±0,004	0,06±0,010	*0,087*
C22:0	Behenska	0,02±0,001	0,01±0,001	*0,046*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,002	0,02±0,006	*0,918*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,09±0,005	0,07±0,012	*0,199*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,47±0,022	0,43±0,055	*0,520*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,011	0,19±0,027	*0,166*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,002	0,02±0,006	*0,152*
C24:1 n-9	Nervonska	0,03±0,003	0,05±0,008	*0,128*

U tablici 29. prikazani su rezultati utjecaja *SCD* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u mesu junadi. Značajni utjecaj utvrđen za udio ukupnih zasićenih masnih kiselina (*p*=0,019) kod jedinki *SCD*-CC genotipa u odnosu na *SCD*-TT/TC genotip (46,92 vs. 45,17%). Mononezasićene masne kiseline imale su veći udio kod jedinki *SCD*-CC genotipa (42,71 vs. 42,14%) dok su polinezasićene masne kiseline imale kod *SCD*-TT/TC genotipa (11,27 vs.

9,06%), kao što je bio slučaj i kod ω-3 i ω-6 masnih kiselina te omjera ω-6/ω-3 polinezasićenih masnih kiselina (0,59; 10,42; 16,69 vs. 0,48; 8,30; 16,25%). Omjer MUFA/SFA, PUFA/SFA i PUFA/MUFA masnih kiselina (0,94; 0,25; 0,28 vs. 0,91; 0,19; 0,21%) imali su veće udjele kod *SCD*-TT/TC genotipova u odnosu na jedinke *SCD*-CC genotipa.

Tablica 29. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT/TC vs. CC)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*SCD* genotip		*p*
	TT/TC	CC	
SFA	45,17±0,260	46,92±0,663	*0,019*
MUFA	42,14±0,373	42,71±0,953	*0,587*
PUFA	11,27±0,443	9,06±1,130	*0,077*
n-3 PUFA	0,59±0,021	0,48±0,055	*0,055*
n-6 PUFA	10,42±0,425	8,30±1,084	*0,078*
n-6/n-3 PUFA	16,69±0,191	16,25±0,488	*0,405*
MUFA/SFA	0,94±0,010	0,91±0,025	*0,288*
PUFA/SFA	0,25±0,011	0,19±0,028	*0,058*
PUFA/MUFA	0,28±0,013	0,21±0,034	*0,068*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

Utjecaj *SCD* genotipa na sadržaj masnih kiselina u mesu junadi prikazan je u tablici 30. Zasićene masne kiseline, miristinska i palmitinska (p=0,032) imale su utvrđene veće udjele kod *SCD*-TT/CC genotipova (2,62; 24,60 vs. 2,47; 23,83%), a stearinska kod *SCD*-CT genotipa (15,89 vs. 14,40%). Veći udjeli nondekanske i arahidske zasićene masne kiseline (p<0,001) utvrđeni su kod jedinki *SCD*-CT genotipa u odnosu na *SCD*-TT/CC genotipove (0,06; 0,09 vs. 0,06; 0,08%). Miristoleinska, palmitoleinska i oleinska nezasićena masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *SCD*-TT/CC genotipova u odnosu na heterozigotni *SCD*-CT genotip. Linolna kiselina imala je veći udio kod jedinki *SCD*-CT genotipa, kao i konjugirana linolna masna kiselina, α-linolenska, γ-linolenska i steridonska (7,25; 0,25; 0,19; 0,05; 0,03 vs. 6,55; 0,24; 0,18; 0,05; 0,02%). Nondecenska nezasićena masna kiselina prevladavala je kod jedinki *SCD*-TT/CC genotipova (0,05 vs. 0,04%). Eikosenska i eikosadienska masna kiselina imale su veći udio kod jedinki heterozigotnog *SCD*-CT genotipa (0,12; 0,10 vs. 0,12; 0,08%) dok su masne kiseline sa 20 C atoma; eikosatrienska, arahidonska i eikosapentenska imale veći kod jedinki *SCD*-CT genotipa u odnosu na *SCD*-CC/TT genotipove (0,53; 2,40; 0,08 vs. 0,50; 2,19; 0,07%). Behenska (p=0,037) masna kiselina imala je veći udio kod *SCD*-TT/CC genotipova u odnosu na *SCD*-CT genotip. Masne kiseline sa 22 C

atoma, dokosatetraenska, dokosapentaenska i dokosaheksaenska imale su veće udjele kod jedinki *SCD*-CT genotipa (0,50; 0,23; 0,03 vs. 0,45; 0,22; 0,02%).

Tablica 30. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT/CC vs. CT)

Masna kiselina		*SCD* genotip		*p*
		TT/CC	CT	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,05±0,003	*0,158*
C14:0	Miristinska	2,62±0,069	2,47±0,094	*0,191*
C14:1	Miristoleinska	0,56±0,027	0,50±0,036	*0,202*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,010	0,37±0,013	*0,821*
C16:0	Palmitinska	24,60±0,205	23,83±0,278	*0,032*
C16:1	Palmitoleinska	3,84±0,078	3,39±0,106	*0,001*
C17:0	Heptadekanska	0,95±0,021	1,00±0,029	*0,215*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,81±0,023	0,75±0,035	*0,210*
C18:0	Stearinska	14,40±0,246	15,89±0,333	*0,001*
C18:1	Oleinska	37,66±0,366	36,45±0,496	*0,057*
C18:2 n-6	Linolna	6,65±0,321	7,25±0,435	*0,271*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,25±0,008	0,24±0,011	*0,551*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,003	0,05±0,005	*0,409*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,18±0,006	0,19±0,007	*0,070*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,002	0,03±0,004	*0,542*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,06±0,002	*0,922*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,002	0,04±0,003	*0,034*
C20:0	Arahidska	0,08±0,002	0,09±0,003	*<0,001*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,004	0,12±0,005	*0,921*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,08±0,003	0,10±0,005	*0,001*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,50±0,027	0,53±0,037	*0,463*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,19±0,130	2,40±0,177	*0,357*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,07±0,005	0,08±0,006	*0,116*
C22:0	Behenska	0,02±0,001	0,01±0,001	*0,037*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,002	0,02±0,004	*0,268*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,08±0,005	0,09±0,008	*0,236*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,45±0,024	0,50±0,036	*0,194*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,22±0,012	0,23±0,016	*0,694*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,02±0,003	0,03±0,004	*0,120*
C24:1 n-9	Nervonska	0,03±0,003	0,03±0,004	*0,902*

U tablici 31. prikazan je utjecaj *SCD* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u junećem mesu. Udio zbirnih zasićenih i polinezasićenih masnih kiselina bio je veći kod jedinki *SCD*-CT genotipa (45,77; 11,53 vs. 45,20; 10,63%) dok je udio nezasićenih masnih kiselina (*p*=0,014)

bio veći kod jedinki *SCD*-TT/CC genotipova (42,92 vs. 41,05%). Udio ω-3 i ω-6 masnih kiselina bio je veći kod jedinki *SCD*-CT genotipa dok je omjer ω-6/ω-3 masnih kiselina bio niži (0,60; 10,67; 16,50 vs. 0,56; 9,81; 16,70%). Omjera MUFA/SFA (bio je veći kod jedinki *SCD*-TT/CC genotipova u odnosu na jedinke *SCD*-CT genotipa i bio je statistički značajan *p*=0,008). Omjer PUFA/SFA i PUFA/MUFA bio veći kod jedinki heterozigotnog *SCD*-CT genotipa (0,26; 0,30 vs. 0,24; 0,26%).

Tablica 31. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT/CC vs. CT)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*SCD* genotip		*p*
	TT/CC	CT	
SFA	45,20±0,300	45,77±0,407	*0,268*
MUFA	42,92±0,432	41,05±0,585	*0,014*
PUFA	10,63±0,512	11,53±0,694	*0,310*
n-3 PUFA	0,56±0,025	0,60±0,034	*0,350*
n-6 PUFA	9,81±0,491	10,67±0,665	*0,308*
n-6/n-3 PUFA	16,70±0,221	16,50±0,300	*0,588*
MUFA/SFA	0,95±0,011	0,90±0,016	*0,008*
PUFA/SFA	0,24±0,013	0,26±0,017	*0,306*
PUFA/MUFA	0,26±0,016	0,30±0,021	*0,144*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

U tablici 32. prikazan je utjecaj *SCD* genotipa na sadržaj masnih kiselina u junećem mesu. Značajni utjecaj (*p*<0,05) utvrđen je kod palmitinske i behenske zasićene masne kiseline gdje je palmitinska kiselina imala veći utjecaj kod jedinki *SCD*-CC genotipa (25,41 vs. 24,38%), dok je behenska imala kod jedinki *SCD*-TT genotipa (0,02 vs. 0,01%). Značajan utjecaj utvrđen je i kod α-linolenske nezasićene masne kiseline (*p*<0,05) kod jedinki *SCD*-TT genotipa (0,18 vs. 0,16%). Zasićene masne kiseline, miristinska i stearinska kiselina utvrđeni veći udio imale su kod jedinki *SCD*-CC genotipa (2,67; 15,31 vs. 2,61; 14,15%), a ostale zasićene masne kiseline; pentadekanska, heptadekanska, nondekanska te arahidska imale su veće udjele kod jedinki *SCD*-CC genotipa u odnosu na *SCD*-TT genotip.

Tablica 32. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT vs. CC)

Masna kiselina		*SCD* genotip		*p*
		TT	CC	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,06±0,005	*0,596*
C14:0	Miristinska	2,61±0,077	2,67±0,151	*0,720*
C14:1	Miristoleinska	0,58±0,030	0,49±0,060	*0,169*
C15:0	Pentadekanska	0,37±0,012	0,38±0,023	*0,665*
C16:0	Palmitinska	24,38±0,221	25,41±0,435	*0,045*
C16:1	Palmitoleinska	3,91±0,082	3,62±0,161	*0,127*
C17:0	Heptadekanska	0,94±0,026	0,99±0,051	*0,424*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,83±0,029	0,72±0,058	*0,089*
C18:0	Stearinska	14,15±0,276	15,31±0,544	*0,068*
C18:1	Oleinska	37,60±0,320	37,91±0,630	*0,659*
C18:2 n-6	Linolna	6,92±0,284	5,65±0,559	*0,053*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,25±0,009	0,27±0,018	*0,255*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,004	0,04±0,008	*0,415*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,18±0,004	0,16±0,008	*0,041*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,003	0,02±0,008	*0,422*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,06±0,003	*0,851*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,002	0,04±0,007	*0,370*
C20:0	Arahidska	0,08±0,002	0,09±0,005	*0,145*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,003	0,12±0,007	*0,742*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,08±0,004	0,07±0,008	*0,339*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,52±0,031	0,43±0,061	*0,208*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,30±0,142	1,81±0,279	*0,131*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,07±0,005	0,06±0,010	*0,177*
C22:0	Behenska	0,02±0,000	0,01±0,001	*0,023*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,003	0,02±0,006	*0,848*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,08±0,006	0,07±0,013	*0,355*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,45±0,027	0,43±0,054	*0,778*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,013	0,19±0,026	*0,170*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,02±0,004	0,02±0,008	*0,415*
C24:1 n-9	Nervonska	0,03±0,003	0,05±0,007	*0,076*

Miristoleinska i palmitoleinska nezasićena masna kiselina imale su veće udjele kod jedinki *SCD*-TT genotipa (0,58; 3,91 vs. 0,49; 3,62%) dok je oleinska imala kod *SCD*-CC genotipa (39,91 vs. 37,60%). Konjugirana linolna kiselina imala je veći udio kod jedinki *SCD*-CC genotipa (0,27 vs. 0,25%), dok je γ-linolenska masna kiselina imale kod jedinki *SCD*-TT genotipa (0,05 vs. 0,04%). Masne kiseline sa 20 C atoma; eikosadienska, eikosatrienska, arahidonska i eikosapentenska su sve imale veće udjele kod jedinki *SCD*-TT genotipa. Veće udjele također su utvrđene kod dokosatrienske, dokosatetraenske, dokosapentaenske i

dokosaheksaenske masne kiseline sa 22 C atoma (0,08; 0,45; 0,23; 0,02 vs. 0,07; 0,43; 0,19; 0,02).

Utjecaj *SCD* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u mesu junadi može se vidjeti u tablici 33. Značajnu vrijednost zbirno zasićenih masnih kiselina imale su jedinke *SCD*-CC genotip u odnosu na *SCD*-TT genotip (46,92 vs. 44,73%, *p*=0,013). Veći udio MUFA i PUFA utvrđen je kod *SCD*-TT genotipa (42,98; 11,07 vs. 42,71; 9,06%). Omjeri ω-3, ω-6 ali i omjer ω-6/ω-3 masnih kiselina bio je niži kod jedinki *SCD*-CC genotipa (0,48; 8,30; 16,25 vs. 0,59; 10,22; 16,83%). Značajniji omjer MUFA/SFA (*p*=0,041), te veći udjeli omjera PUFA/SFA i PUFA/SFA utvrđeni su kod jedinki *SCD*-TT genotipa (0,97; 0,25; 0,27 vs. 0,91; 0,19; 0,21%).

Tablica 33. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *SCD* genotipa (TT vs. CC)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*SCD* genotip		*p*
	TT	CC	
SFA	44,73±0,376	46,92±0,740	*0,013*
MUFA	42,98±0,391	42,71±0,769	*0,757*
PUFA	11,07±0,494	9,06±0,972	*0,077*
n-3 PUFA	0,59±0,026	0,48±0,051	*0,067*
n-6 PUFA	10,22±0,473	8,30±0,930	*0,077*
n-6/n-3 PUFA	16,83±0,219	16,25±0,432	*0,239*
MUFA/SFA	0,97±0,012	0,91±0,024	*0,041*
PUFA/SFA	0,25±0,013	0,19±0,026	*0,067*
PUFA/MUFA	0,27±0,014	0,21±0,028	*0,079*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

4.3.3. Utjecaj *GH* polimorfizma na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi

U tablici 34. prikazan je utjecaj genotipa *GH* gena na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi. Palmitinska kiselina (*p*=0,001) imala je najveći udio masnih kiselina kod jedinki CG > CC > GG *GH*-genotipa (25,05 vs. 24,99; 23,69%), kao i kod zasićene miristinske masne kiseline (0,57 vs. 0,53; 0,52%). Stearinska masna kiselina najveći udio imala kod jedinki *GH*-CC genotipa u odnosu na *GH*-CG i *GH*-GG genotip (15,94 vs. 15,20; 14,54%). Ostale zasićene masne kiseline, nondekanska i arahidska, imale su utvrđen najveći udio masnih kiselina u MLD-u junadi kod jedinki *GH*-CG genotipa. Miristoleinska i oleinska nezasićena masna kiselina imale su najveće udjele utvrđene kod jedinki *GH*-CG genotipa (0,57 vs. 0,53; 0,52%) odnosno (37,44 vs. 37,29; 36,44%) dok je palmitoleinska imala kod jedinki *GH*-CC genotipa (3,72 vs. 3,67; 3,66%). Derivat linolne kiseline, konjugirana linolna masna kiselina najveći je udio imala

utvrđen kod jedinki *GH*-CC genotipa, dok su α-linolenska i γ-linolenska imale kod jedinki *GH*-GG genotipa u odnosu na *GH*-CG i *GH*-CC genotipove (0,19; 0,05 vs. 0,17; 0,04 i 0,17; 0,04%).

Tablica 34. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa

Svojstvo		*GH* genotip			*p*
		CC	CG	GG	
C12:0	Laurinska	0,06±0,005	0,06±0,003	0,06±0,002	*0,801*
C14:0	Miristinska	2,56±0,157	2,72±0,102	2,48±0,073	*0,156*
C14:1	Miristoleinska	0,52±0,061	0,57±0,040	0,53±0,028	*0,695*
C15:0	Pentadekanska	0,39±0,022	0,39±0,015	0,35±0,010	*0,187*
C16:0	Palmitinska	24,99±0,467^{a}	25,05±0,302^{b}	23,69±0,216^{b}	*0,001*
C16:1	Palmitoleinska	3,72±0,178	3,67±0,115	3,66±0,082	*0,954*
C17:0	Heptadekanska	1,04±0,048	1,00±0,031	0,93±0,022	*0,073*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,85±0,077	0,78±0,037	0,78±0,024	*0,716*
C18:0	Stearinska	15,94±0,559	15,20±0,362	14,54±0,259	*0,059*
C18:1	Oleinska	36,44±0,833	37,44±0,539	37,29±0,386	*0,586*
C18:2 n-6	Linolna	6,13±0,730^{a}	5,98±0,473^{b}	7,61±0,338^{a,b}	*0,016*
C18:2 c9,t11	Konj. Linolna	0,27±0,018	0,25±0,012	0,24±0,008	*0,406*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,04±0,010	0,04±0,005	0,05±0,003	*0,353*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,17±0,013	0,17±0,008	0,19±0,006	*0,065*
C18:4 n-3	Stearidonska	0,02±0,006	0,03±0,004	0,02±0,003	*0,454*
C19:0	Nondekanska	0,05±0,005	0,06±0,002	0,06±0,002	*0,268*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,007	0,04±0,003	0,04±0,002	*0,614*
C20:0	Arahidska	0,09±0,005	0,09±0,003	0,08±0,002	*0,285*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,14±0,008^{a}	0,13±0,005^{a,b}	0,12±0,004^{b}	*0,013*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,08±0,008	0,09±0,005	0,09±0,004	*0,625*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,48±0,062	0,47±0,040	0,54±0,029	*0,288*
C20:4 n-6	Arahidonska	1,89±0,296^{a}	1,98±0,192^{a}	2,55±0,137^{b}	*0,028*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,09±0,011	0,07±0,007	0,08±0,005	*0,259*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,03±0,008	0,02±0,004	0,02±0,003	*0,424*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,10±0,018	0,07±0,009	0,09±0,005	*0,328*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,54±0,080	0,42±0,039	0,48±0,025	*0,320*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,21±0,028	0,20±0,018	0,23±0,013	*0,345*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,008	0,02±0,005	0,03±0,003	*0,493*
C24:1 n-9	Nervonska	0,04±0,009	0,03±0,005	0,04±0,003	*0,297*

^{a,b}=vrijednosti unutar reda označene različitim slovom značajno se razlikuju (*p*=0,05)

Sadržaj masnih kiselina sa 20 C atoma, posebice arahidonske bio je značajno veći kod u masnom tkivu jedinki *GH*-GG (*p*=0,028), dok je eikosenska imala kod jedinki homozigotnog *GH*-CC genotipa (*p*=0,013). Većina masnih kiselina sa 22 C atoma; dokosadienska,

dokosatrienska, dokosatetraenska te dokosaheksaenska imale su veće udjele kod jedinki *GH*-CC genotipa, dok je dokosapentaenska imala kod *GH*-GG genotipa.

Utjecaj *GH* genotipa na zbirni udio masnih kiselina prikazan je u tablici 35. Značajno veći udio zbirnih zasićenih masnih kiselina utvrđen je kod jedinki *GH*-CG genotipa (p=0,004). Viši udio MUFA masnih kiselina bio je utvrđen kod jedinki *GH*-CG genotipa, a udio PUFA polinezasićenih masnih kiselina bio je statistički značajan kod jedinki *GH*-GG genotipa (p=0,020). Viši udio ω-3 masnih kiselina bio je utvrđen kod jedinki *GH*-GG genotipa. Omjer ω-6 masnih kiselina bio je značajno (p=0,019) viši kod *GH*-GG genotipa u odnosu na *GH*-CG i *GH*-CC genotipove. Niži udio omjera ω-6/ω-3 masnih kiselina (p<0,001), omjera PUFA/SFA (0,27 vs. 0,22, p=0,017) te omjera MUFA/MUFA (0,31 vs. 0,24; 0,24%, p=0,030) utvrđen je kod jedinki *GH*-GG genotipa u odnosu na *GH*-CC i *GH*-CG genotipove.

Tablica 35. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa

Zbirni udjeli masnih kiselina	*GH* genotip			*p*
	CC	CG	GG	
SFA	46,34±0,683^{a}	46,36±0,443^{b}	44,59±0,316^{b}	*0,004*
MUFA	41,25±0,982	42,44±0,636	42,36±0,455	*0,556*
PUFA	9,66±1,164^{a}	9,65±0,754^{b}	12,10±0,539^{a,b}	*0,020*
n-3 PUFA	0,54±0,056	0,53±0,037	0,62±0,026	*0,113*
n-6 PUFA	8,84±1,117^{a}	8,86±0,723^{b}	11,23±0,517^{a,b}	*0,019*
n-6/n-3 PUFA	14,64±0,503 ^{a}	16,09±0,326 ^{b}	17,49±0,233 ^{a,b}	*<0,001*
MUFA/SFA	0,90±0,026	0,92±0,017	0,95±0,012	*0,121*
PUFA/SFA	0,22±0,029^{a}	0,21±0,019^{b}	0,27±0,014^{a,b}	*0,017*
PUFA/MUFA	0,24±0,035^{a}	0,24±0,023^{b}	0,31±0,016^{a,b}	*0,030*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids); ^{a,b}=vrijednosti unutar reda označene različitim slovom značajno se razlikuju (p<0,05)

Utjecaj *GH* genotipa na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi prikazan je u tablici 36. Zasićene masne kiseline; miristinska, palmitinska (*p<0,001*) i stearinska (*p=0,030*) imale su veće udjele kod *GH*-GG/GC genotipova u odnosu na *GH*-CC genotip. Razlika promatranog svojstva kod heptadekanske kiseline imala je visoku značajnost (p=0,027) kod *GH*-GG/GC genotipova u odnosu na *GH*-CC genotip. Veći udio nezasićenih masnih kiselina, miristoleinske i palmitoleinske masne kiseline utvrđen je kod jedinki *GH*-GG/GC genotipova. Udio oleinske i linolne masne kiseline (p<0,005), te α-linolenske i γ-linolenske masne kiseline veći je kod *GH*-CC genotipa u odnosu na GG/GC genotipove. Masne kiseline sa 20 C atoma odnosno arahidonska masna kiselina značajno manji udio utvrđen je kod jedinki CC genotipa (p=0,008) u odnosu na eikosensku masnu kiselinu koja je imala veći udio kod *GH*-GG/GC genotipova (p=0,010). Masne kiseline sa 22 C atoma; dokosatrienska, dokosatetraenska,

dokosapentaenska i dokosaheksaenska imale su veće udjele kod *GH*-GG genotipa u odnosu na *GH*-GG/GC genotipove.

Tablica 36. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG/GC vs. CC)

Masna kiselina		*GH* genotip		*p*
		GG/GC	CC	
C12:0	Laurinska	0,06±0,003	0,06±0,002	*0,916*
C14:0	Miristinska	2,67±0,086	2,48±0,073	*0,092*
C14:1	Miristoleinska	0,55±0,033	0,53±0,028	*0,543*
C15:0	Pentadekanska	0,39±0,012	0,35±0,010	*0,069*
C16:0	Palmitinska	25,03±0,254	23,69±0,216	*<0,001*
C16:1	Palmitoleinska	3,69±0,097	3,66±0,082	*0,825*
C17:0	Heptadekanska	1,01±0,026	0,93±0,022	*0,027*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,80±0,034	0,78±0,024	*0,731*
C18:0	Stearinska	15,44±0,304	14,54±0,259	*0,030*
C18:1	Oleinska	37,11±0,453	37,29±0,386	*0,765*
C18:2 n-6	Linolna	6,03±0,397	7,61±0,338	*0,005*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,26±0,010	0,24±0,008	*0,232*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,04±0,004	0,05±0,003	*0,156*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,17±0,007	0,19±0,006	*0,021*
C18:4 n-3	Steridonska	0,03±0,003	0,02±0,003	*0,266*
C19:0	Nondekanska	0,06±0,002	0,06±0,002	*0,302*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,04±0,003	0,04±0,002	*0,752*
C20:0	Arahidska	0,09±0,003	0,08±0,002	*0,148*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,13±0,004	0,12±0,004	*0,010*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,09±0,004	0,09±0,004	*0,876*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,47±0,034	0,54±0,029	*0,121*
C20:4 n-6	Arahidonska	1,95±0,161	2,55±0,137	*0,008*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,07±0,006	0,08±0,005	*0,765*
C22:0	Behenska	0,02±0,001	0,01±0,001	*0,073*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,003	0,02±0,003	*0,205*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,08±0,008	0,09±0,005	*0,411*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,45±0,035	0,48±0,025	*0,455*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,20±0,015	0,23±0,013	*0,151*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,02±0,004	0,03±0,003	*0,450*
C24:1 n-9	Nervonska	0,03±0,004	0,04±0,003	*0,304*

U tablici 37. prikazan je utjecaj *GH* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u MLD-u mesa junadi. Značajno veći udio SFA utvrđen je kod jedinki *GH*-GG/GC genotipova u odnosu na *GH*-CC genotip (46,35 vs. 44,59%, *p*=0,001), te udio MUFA (42,36 vs. 42,05%) i značajan udio

ω-6/ω-3 masnih kiselina (15,62 vs. 17,49%, *p*<0,001). Značajan udio PUFA masnih kiselina (12,10 vs. 9,65%, *p*=0,006) te udjeli ω-3 (*p*=0,040) i ω-6 (*p*=0,005) masnih kiselina utvrđen kod *GH*-CC genotipa. Značajno veći udjeli PUFA/SFA (*p*=0,005) i PUFA/MUFA (*p*=0,009) također su utvrđeni kod jedinki *GH*-CC genotipa u odnosu na *GH*-GG/GC genotipove.

Tablica 37. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG/GC vs. CC)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*GH* genotip		*p*
	GG/GC	CC	
SFA	46,35±0,37	44,59±0,316	*0,001*
MUFA	42,05±0,535	42,36±0,455	*0,661*
PUFA	9,65±0,634	12,10±0,539	*0,006*
n-3 PUFA	0,53±0,031	0,62±0,026	*0,040*
n-6 PUFA	8,85±0,608	11,23±0,517	*0,005*
n-6/n-3 PUFA	15,62±0,274	17,49±0,233	*<0,001*
MUFA/SFA	0,91±0,014	0,95±0,012	*0,051*
PUFA/SFA	0,21±0,016	0,27±0,014	*0,005*
PUFA/MUFA	0,24±0,019	0,31±0,016	*0,009*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

Utjecaj *GH* genotipa na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi prikazan je u tablici 38. Eikosenska nezasićena masna kiselina (*p*=0,011) imala je utvrđeni veći udio kod jedinki *GH*-GG genotipa u odnosu na *GH*-GC/CC genotipove (0,14 vs. 0,12%). Zasićene masne kiseline, palmitinska i stearinska masna kiselina imale su veće udjele kod jedinki *GH*-GG genotipa (24,99; 15,94 vs. 3,67; 24,19%), dok je miristinska masna kiselina imala veći udio kod *GH*-GC/CC genotipova (2,57 vs. 2,56%). Miristoleinska i oleinska nezasićena masna kiselina imale su veći udio kod *GH*-GC/CC genotipova (0,54; 37,35 vs. 0,52; 36,44%), dok je palmitoleinska imala kod jedinki *GH*-GG genotipa (3,72 vs. 3,67%). Linolna, α-linolenska i γ-linolenska nezasićena masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *GH*-GC/CC genotipova u odnosu na *GH*-GG genotip (7,01; 0,05; 0,18 vs. 6,13; 0,04; 0,17%), dok je konjugirana linolna veći udio imala kod jedinki *GH*-GG genotipa (0,27 vs. 0,24%). Nondecenska i eikosadienska nezasićena masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *GH*-GG genotipa u odnosu na *GH*-GC/CC genotipove (0,05; 0,14 vs. 0,04; 0,12%). Masne kiseline sa 20 C atoma imale su veće udjele kod *GH*-GC/CC genotipova, dok su masne kiseline sa 22 C atoma imale veće udjele kod jedinki *GH*-GG genotipa.

Tablica 38. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG vs. GC/CC)

Masna kiselina		*GH* genotip		*p*
		GG	GC/CC	
C12:0	Laurinska	0,06±0,005	0,06±0,002	*0,596*
C14:0	Miristinska	2,56±0,157	2,57±0,059	*0,962*
C14:1	Miristoleinska	0,52±0,061	0,54±0,023	*0,807*
C15:0	Pentadekanska	0,39±0,022	0,37±0,008	*0,429*
C16:0	Palmitinska	24,99±0,467	24,19±0,176	*0,117*
C16:1	Palmitoleinska	3,72±0,178	3,67±0,067	*0,774*
C17:0	Heptadekanska	1,04±0,048	0,96±0,018	*0,126*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,85±0,077	0,78±0,020	*0,418*
C18:0	Stearinska	15,94±0,559	14,78±0,211	*0,061*
C18:1	Oleinska	36,44±0,833	37,35±0,314	*0,313*
C18:2 n-6	Linolna	6,13±0,730	7,01±0,276	*0,269*
C18:2 c9,t11	Konj. Linolna	0,27±0,018	0,24±0,007	*0,279*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,04±0,010	0,05±0,003	*0,444*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,17±0,013	0,18±0,005	*0,408*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,006	0,02±0,002	*0,975*
C19:0	Nondekanska	0,05±0,005	0,06±0,001	*0,464*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,007	0,04±0,002	*0,484*
C20:0	Arahidska	0,09±0,005	0,08±0,002	*0,218*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,14±0,008	0,12±0,003	*0,011*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,08±0,008	0,09±0,003	*0,439*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,48±0,062	0,52±0,024	*0,612*
C20:4 n-6	Arahidonska	1,89±0,296	2,34±0,112	*0,163*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,09±0,011	0,07±0,004	*0,194*
C22:0	Behenska	0,02±0,002	0,02±0,001	*0,957*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,03±0,008	0,02±0,002	*0,504*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,10±0,018	0,08±0,005	*0,419*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,54±0,080	0,46±0,021	*0,368*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,21±0,028	0,22±0,010	*0,627*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,008	0,02±0,002	*0,618*
C24:1 n-9	Nervonska	0,04±0,009	0,03±0,003	*0,536*

U tablici 39. prikazan je utjecaj *GH* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u MLD-u mesa junadi. Zbirni udio zasićenih masnih kiselina bio je veći kod jedinki *GH*-GG genotipa (46,34 vs. 45,24%) dok je udio nezasićenih masnih kiselina bio utvrđen kod GC/CC genotipova (42,39 vs. 41,25%). Utvrđeni su veći udjeli PUFA, ω-3, ω-6, omjera ω-6/ω-3 masnih kiselina u *GH*-GC/CC genotipovima u odnosu na *GH*-CC genotip u MLD-u junadi koje je bio značajan (p<0,001).

Tablica 39. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG vs. GC/CC)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*GH* genotip		*p*
	GG	GC/CC	
SFA	46,34±0,683	45,24±0,258	*0,141*
MUFA	41,25±0,982	42,39±0,371	*0,283*
PUFA	9,66±1,164	11,20±0,440	*0,223*
n-3 PUFA	0,54±0,056	0,58±0,021	*0,476*
n-6 PUFA	8,84±1,117	10,36±0,422	*0,210*
n-6/n-3 PUFA	14,64±0,503	16,98±0,190	*<0,001*
MUFA/SFA	0,90±0,026	0,94±0,010	*0,143*
PUFA/SFA	0,22±0,029	0,25±0,011	*0,333*
PUFA/MUFA	0,24±0,035	0,28±0,013	*0,284*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

Utjecaj *GH* genotipa na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi prikazan je u tablici 40. Značajni utjecaj (p<0,05) bio je utvrđen kod palmitinske i linolne masne kiseline. Veći udio palmitinske kiseline utvrđen je kod *GH*-GC genotipa (25,05 vs. 23,97%, p=0,005) dok je linolna imala značajno veći udio kod *GH*-GG/CC genotipova (7,29 vs. 5,98%, p=0,026). Laurinska masna kiselina imala je podjednaki udio kod svih genotipova (0,06%), dok su zasićene masne kiseline, miristinska i stearinska imale veći udio kod jedinki *GH*-GC genotipa (2,72; 15,20 vs. 2,49; 14,84%), u odnosu na *GH*-GG/CC homozigotne genotipove. Ostale zasićene masne kiseline, pentadekanska i heptadekanska, također su imale utvrđen veći udio kod *GH*-GC genotipa (0,39; 1,00 vs. 0,36; 0,95%). Miristoleinska, palmitoleinska i oleinska nezasićena masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *GH*-GC genotipa u odnosu na *GH*-GG/CC genotipove (0,57; 3,67; 37,44 vs. 0,53; 3,67; 37,11%). Konjugirana linolna masna kiselina imala je veći udio kod *GH*-GC genotipa (0,26 vs. 0,25%), dok je linolna esencijalna masna kiselina imala veći udio kod *GH*-GG/CC genotipova (7,29 vs. 5,98%). Ostale masne kiseline sa 18 C atoma, α-linolenska i γ-linolenska imale su veći udio kod *GH*-GG/CC genotipova (0,19; 0,05 vs. 0,17; 0,04%), a stearidonska je kod jedinki *GH*-GC genotipa (0,03 vs. 0,02%). Nondecenska, eikosenska i eikosadienska masna kiselina imale su veći udio kod *GH*-GC genotipa (0,04; 0,13; 0,09 vs. 0,04; 0,12; 0,08%) u odnosu na *GH*-GG/CC genotipove. Veći udio kod masnih kiselina sa 20 C atoma, eikosatrienske, arahidonske i eikosapentenske masne kiseline bio je kod *GH*-GG/CC genotipova (0,53; 2,40; 0,08 vs. 0,47; 1,98; 0,07%) u odnosu na *GH*-GC genotip. Dokosadienska je imala utvrđen veći udio kod jedinki *GH*-GC genotipa (0,023 vs. 0,022%), dok je dokosatrienska polinezasićena masna kiselina imala veći udio kod *GH*-GG/CC genotipova (0,086 vs. 0,074%).

Tablica 40. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG/CC vs. GC)

Masna kiselina		*GH* genotip		*p*
		GG/CC	GC	
C12:0	Laurinska	0,06±0,002	0,06±0,003	*0,586*
C14:0	Miristinska	2,49±0,066	2,72±0,102	*0,067*
C14:1	Miristoleinska	0,53±0,026	0,57±0,040	*0,397*
C15:0	Pentadekanska	0,36±0,010	0,39±0,015	*0,186*
C16:0	Palmitinska	23,97±0,197	25,05±0,302	*0,005*
C16:1	Palmitoleinska	3,67±0,075	3,67±0,115	*0,998*
C17:0	Heptadekanska	0,95±0,020	1,00±0,031	*0,244*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,79±0,023	0,78±0,037	*0,854*
C18:0	Stearinska	14,84±0,236	15,20±0,362	*0,410*
C18:1	Oleinska	37,11±0,352	37,44±0,539	*0,611*
C18:2 n-6	Linolna	7,29±0,308	5,98±0,473	*0,026*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,25±0,008	0,25±0,012	*0,690*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,05±0,003	0,04±0,005	*0,315*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,19±0,005	0,17±0,008	*0,067*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,002	0,03±0,004	*0,232*
C19:0	Nondekanska	0,05±0,002	0,06±0,002	*0,116*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,04±0,002	0,04±0,003	*0,397*
C20:0	Arahidska	0,08±0,002	0,09±0,003	*0,580*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,12±0,003	0,13±0,005	*0,481*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,09±0,003	0,09±0,005	*0,426*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,53±0,026	0,47±0,040	*0,210*
C20:4 n-6	Arahidonska	2,40±0,125	1,98±0,192	*0,075*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,08±0,005	0,07±0,007	*0,170*
C22:0	Behenska	0,01±0,001	0,02±0,001	*0,065*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,02±0,003	0,02±0,004	*0,355*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,09±0,005	0,07±0,009	*0,160*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,49±0,024	0,42±0,039	*0,165*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,23±0,012	0,20±0,018	*0,251*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,002	0,02±0,005	*0,258*
C24:1 n-9	Nervonska	0,04±0,003	0,03±0,005	*0,128*

U tablici 41. prikazan je utjecaj *GH* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u MLD-u mesa junadi. Zbirni udjeli SFA masnih kiselina (*p*=0,013) i MUFA masnih kiselina bili su veći kod *GH*-GC genotipa (46,36; 42,44 vs. 44,97; 42,12%) u odnosu na *GH*-GG/CC genotipove. Veći udio zbirnih udjela polinezasićenih masnih kiselina bio je kod *GH*-GG/CC genotipova (11,08 vs. 9,63%, *p*=0,040). Omjer ω-3, ω-6 te omjer ω-6/ω-3 masnih kiselina bio je veći kod *GH*-GG/CC genotipova u odnosu na *GH*-GC genotipove. Omjer MUFA/SFA bio je veći kod

GH-GG/CC genotipova (0,94 vs. 0,92%), kao i omjer PUFA/SFA i PUFA/MUFA (0,26; 0,29 vs. 0,21; 0,24%).

Tablica 41. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG/CC vs. GC)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*GH* genotip		*p*
	GG/CC	GC	
SFA	44,97±0,289	46,36±0,443	*0,013*
MUFA	42,12±0,415	42,44±0,636	*0,679*
PUFA	11,57±0,492	9,65±0,754	*0,040*
n-3 PUFA	0,60±0,024	0,53±0,037	*0,100*
n-6 PUFA	10,71±0,472	8,86±0,723	*0,039*
n-6/n-3 PUFA	16,87±0,213	16,09±0,326	*0,052*
MUFA/SFA	0,94±0,011	0,92±0,017	*0,357*
PUFA/SFA	0,26±0,012	0,21±0,019	*0,022*
PUFA/MUFA	0,29±0,015	0,24±0,023	*0,045*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

Utjecaj *GH* genotipa na sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi prikazan je u tablici 42. Zasićene masne kiseline, palmitinska (24,99 vs. 23,69%, *p*=0,015) i stearinska (15,94 vs. 14,54%, *p*=0,035), ali i miristinska (2,56 vs. 2,48%) masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *GH*-GG genotipa u odnosu na *GH*-CC genotip. Ostale zasićene masne kiseline, laurinska i nondekanska, imale su veće udjele kod jedinki *GH*-CC genotipa (0,06; 0,06 vs. 0,06; 0,05%), behenska je imala kod jedinki *GH*-GG genotipa (0,02 vs. 0,01%), arahidska je imala podjednake udjele kod oba genotipa (0,09%), dok je heptadekanska imala značajno veći udio kod *GH*-GG genotipa (1,04 vs. 0,93%, *p*=0,045) Nezasićene masne kiseline, miristoleinska i oleinska, imale su veći udio kod jedinki *GH*-CC genotipa (0,53; 7,61 vs. 0,52; 6,13%), dok je palmitoleinska imala kod *GH*-CC genotipa (3,72 vs. 3,66%). Esencijalne masne kiseline, linolna i α-linolenska masna kiselina imale su veći udio kod jedinki *GH*-CC genotipa (7,61; 0,19 vs. 6,13; 0,17%), kao i γ-linolenska i stearidonska masna kiselina (0,05; 0,02 vs. 0,04; 0,02%) dok je konjugirana linolna kiselina imala kod *GH*-GG genotipa (0,27 vs. 0,24%). Masne kiseline sa 20 C atoma, eikosadienska, eikosatrienska i arahidonska imale su veći udio kod *GH*-CC genotipa (0,09; 0,54; 2,55 vs. 0,08; 0,48; 1,89%), dok je eikosapentaenska imala kod *GH*-CC genotipa (0,09 vs. 0,08%). Sve navedene masne kiseline dokosadienska, dokosatrienska, dokosatetraenska, dokosapentaenska i dokosaheksaenska imale su veći udio kod *GH*-GG genotipa u odnosu na *GH*-CC genotip.

Tablica 42. Sadržaj masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG vs. CC)

Masna kiselina		*GH* genotip		*p*
		GG	CC	
C12:0	Laurinska	0,06±0,005	0,06±0,002	*0,688*
C14:0	Miristinska	2,56±0,147	2,48±0,068	*0,612*
C14:1	Miristoleinska	0,52±0,058	0,53±0,027	*0,984*
C15:0	Pentadekanska	0,39±0,020	0,35±0,009	*0,178*
C16:0	Palmitinska	24,99±0,456	23,69±0,211	*0,015*
C16:1	Palmitoleinska	3,72±0,175	3,66±0,081	*0,758*
C17:0	Heptadekanska	1,04±0,046	0,93±0,021	*0,045*
C17:1 n-7	Heptadecenska	0,85±0,070	0,78±0,022	*0,382*
C18:0	Stearinska	15,94±0,573	14,54±0,265	*0,035*
C18:1	Oleinska	36,44±0,898	37,29±0,416	*0,394*
C18:2 n-6	Linolna	6,13±0,798	7,61±0,370	*0,105*
C18:2 c9,t11	Konj. linolna	0,27±0,019	0,24±0,009	*0,239*
C18:3 n-6	γ-Linolenska	0,04±0,011	0,05±0,004	*0,376*
C18:3 n-3	α-Linolenska	0,17±0,014	0,19±0,006	*0,213*
C18:4 n-3	Steridonska	0,02±0,005	0,02±0,002	*0,741*
C19:0	Nondekanska	0,05±0,005	0,06±0,002	*0,664*
C19:1 n-9	Nondecenska	0,05±0,007	0,04±0,002	*0,577*
C20:0	Arahidska	0,09±0,005	0,08±0,002	*0,128*
C20:1 n-9	Eikosenska	0,14±0,008	0,12±0,004	*0,006*
C20:2 n-6	Eikosadienska	0,08±0,008	0,09±0,004	*0,567*
C20:3 n-6	Eikosatrienska	0,48±0,064	0,54±0,030	*0,391*
C20:4 n-6	Arahidonska	1,89±0,327	2,55±0,151	*0,078*
C20:5 n-3	Eikosapentaenska	0,09±0,010	0,08±0,004	*0,277*
C22:0	Behenska	0,02±0,003	0,01±0,001	*0,727*
C22:2 n-6	Dokosadienska	0,03±0,005	0,02±0,002	*0,197*
C22:3 n-3	Dokosatrienska	0,10±0,019	0,09±0,006	*0,602*
C22:4 n-6	Dokosatetraenska	0,54±0,085	0,48±0,026	*0,528*
C22:5 n-3	Dokosapentaenska	0,21±0,030	0,23±0,014	*0,439*
C22:6 n-3	Dokosaheksaenska	0,03±0,009	0,03±0,003	*0,755*
C24:1 n-9	Nervonska	0,04±0,009	0,04±0,003	*0,733*

U tablici 43. prikazan je utjecaj *GH* genotipa na zbirne udjele masnih kiselina u MLD-u junadi. Značajan utjecaj ($p<0,05$) utvrđen je kod zbirnog udjela zasićenih masnih kiselina gdje je veći udio bio kod jedinki *GH*-GG genotipa (46,34 vs. 44,59%, $p=0,030$) i kod omjera ω-6/ω-3 masnih kiselina gdje je veći udio bio zabilježen kod *GH*-CC genotipa (17,49 vs. 14,64%). Zbirni udio nezasićenih i polinezasićenih masnih kiselina bio veći kod jedinki *GH*-CC genotipa (42,36; 12,10 vs. 41,25; 9,66%). Omjer ω-3 masnih kiselina bio je veći kod *GH*-CC genotipa (0,62 vs.

0,54%), kao i omjer ω-6 masnih kiselina (11,23 vs. 8,84%). Omjer PUFA/SFA veći je kod jedinki *GH*-CC genotipa (0,27 vs. 0,22%), kao i omjeri MUFA/SFA i PUFA/MUFA masnih kiselina (0,95; 0,31 vs. 0,90; 0,24%).

Tablica 43. Sadržaj zbirnih udjela masnih kiselina u MLD-u junadi (LSMEAN±SE i *p*-vrijednost) obzirom na utjecaj *GH* genotipa (GG vs. CC)

Zbirni udjeli masnih kiselina	*GH* genotip		*p*
	GG	CC	
SFA	46,34±0,694	44,59±0,322	*0,030*
MUFA	41,25±1,028	42,36±0,476	*0,333*
PUFA	9,66±1,272	12,10±0,589	*0,092*
n-3 PUFA	0,54±0,061	0,62±0,028	*0,262*
n-6 PUFA	8,84±1,221	11,23±0,565	*0,086*
n-6/n-3 PUFA	14,64±0,532	17,49±0,247	*<0,001*
MUFA/SFA	0,90±0,026	0,95±0,012	*0,078*
PUFA/SFA	0,22±0,032	0,27±0,015	*0,130*
PUFA/MUFA	0,24±0,039	0,31±,018	*0,126*

SFA=zbroj svih zasićenih masnih kiselina (saturated fatty acids); MUFA=zbroj svih jednostruko nezasićenih masnih kiselina (monounsaturated fatty acids); PUFA=zbroj svih višestruko nezasićenih masnih kiselina (polyunsaturated fatty acids)

5. RASPRAVA

5.1. Polimorfizam alelnih varijanti *FASN, SCD i GH* gena

Polimorfizam *FASN* gena utvrđen je kod svih pasmina u predmetnom istraživanju. Homozigotne *FASN*-AA jedinke najmanje su zastupljene u istraženim populacijama, a navedeni genotip nije bio utvrđen kod simentalske pasmine. Kod HER pasmine *FASN*-GG genotip nije utvrđen. Dominantna frekvencija *FASN*-GG genotipa bila je utvrđena kod HOL x BB, SIM i CH populacija. Sličnu frekvenciju genotipova *FASN* gena utvrdili su i drugi autori (Maharani i sur., 2012; Kaplanová i sur., 2013; Barton i sur., 2016; Canciano-Bainer i sur., 2021). Maharani i sur. (2012) utvrdili su manju zastupljenost *FASN*-AA genotipa kao i frekvenciju *FASN*-A alela kod japanskih crnih goveda. Kod istraživanih F1 križanaca (Charolais, Simmental, Fleckvich i Blonde d'Aquitaine), Kaplanova i sur. (2013) utvrdili su također najmanju zastupljenost *FASN*-AA genotipa. Barton i sur. (2016) su u populaciji Simmental pasmine te Canciano-Bainer i sur. (2021) u populaciji Holstein pasmine također utvrdili najmanju frekvenciju *FASN*-AA genotipa. U populaciji japanskih crnih goveda frekvencija *FASN*-G alela zastupljena je u frekvenciji od 0,83 (Maharani i sur., 2012). Kaplanova i sur. (2013) su kod F1 križanaca utvrdili 65% frekvenciju *FASN*-G alela, Barton i sur. (2016) kod Simmental pasmine 73%, dok su Cancino-Bainer i sur. (2021) u svojem istraživanju kod Holstein pasmine utvrdili frekvenciju *FASN*-G alela od 62%. Spomenute istraživanja u suglasju su sa predmetnim istraživanjem gdje su u populacijama F1 križanaca Holstein x mesne pasmine utvrđene frekvencije *FASN*-G od 60 do 75%, a kod simentalske pasmine 75%.

Beak i sur. (2019) u istraživanju na populaciji korejskih goveda proučavali polimorfizam *FASN* gena kod rs41919985 SNP-a te nisu utvrdili *FASN*-AA polimorfni genotip. Dominantan je bio GG genotip (0,70) odnosno *FASN*-G alelna varijanta (0,85) *FASN* gena, što je u predmetnom istraživanju utvrđeno kod HOL x BB, SIM i CH pasmine. Raza i sur. (2018) su na tri SNP pozicije *FASN* gena utvrdili dominaciju *FASN*-C alelne varijante i to sa 86,9%, 74,6% i 67,6% za g.12740C>T, g.13192T>C i g.13232C>T.

Najmanji opaženi broj jedinki i frekvencija *SCD* genotipa uočena je za *SCD*-CC genotip (tablica 9). Sličan odnos *SCD*-CC naspram *SCD*-CT/*SCD*-TT genotipova utvrđeni su i u drugim istraživanjima (Maharani i sur., 2012; Papaleo Mazzucco i sur., 2016). Maharani i sur. (2012) utvrdili su frekvenciju *SCD*-CC genotipa od 0,19 što je istovjetno s rezultatima utvrđenim u predmetnom istraživanju (Hereford, 0,19); (Simmental, 0,19). Papaleo Mazzucco i sur. (2016) u svojim istraživanjima kod Hereford pasmine nisu utvrdili *SCD*-CC genotip, a najveća frekvencija bila je utvrđena kod *SCD*-CT genotipa (0,58), kao što je zapaženo u istraživanju Dujkove i sur. (2015, frekvencija *SCD*-CT genotipa iznosila je 0,45).

U odnosu na navedene rezultate Barton i sur (2010), Wu i sur. (2012) te Trakovicka i sur. (2018) su utvrdili dominantni udio *SCD*-CC genotipa u svojim istraživanjima, dok u predmetnom istraživanju kod HOL x PIE, HOL x LIM te Charolais pasmina nije utvrđen *SCD*-CC genotip. Najniža frekvencija *SCD*-C alela zapažena je u populacijama F1 križanaca (HOL x PIE, 0,15; HOL x LIM; 0,15) te Charolais pasmine (0,18), što je usporedivo s istraživanjem Metin i sur. (2020).

Polimorfizam *GH* gena zapažen je kod svih istraživanih populacija uz napomenu da je najniža frekvencija utvrđena kod *GH*-GG genotipa (tablica 11.). Kod nekih populacija nije zapažen *GH*-GG genotip (HOL x SIM, HOL x BB, CH). Nižu frekvenciju alelne varijante *GH*-G gena utvrdili su i drugi autori (Maharani i sur., 2012; Putra i sur., 2016; Bordonaro i sur., 2020). Maharani i sur. (2012) u svojem istraživanju nisu utvrdili *GH*-GG genotip, a frekvencija *GH*-CG genotipa zapažena je u niskoj frekvenciji (0,15). Putra i sur. (2016) u istraženoj populaciji goveda također nisu utvrdili *GH*-GG genotip, no zapažena je izrazito visoka frekvencija *GH*-CG heterozigota (0,73), što su zapazili Ribece i sur. (2014) u svojim istraživanjima na Piemontese bikovima (2014; 0,49).

Kod junadi Hereford pasmine Kaneda i sur. (2011) su utvrdili manju frekvenciju *GH*-G alela (0,13), a kod Holstein pasmine (0,067). Maharani i sur. (2012), Putra i sur. (2014) te Bordonario i sur. (2020) također su utvrdili nižu frekvenciju *GH*-G alela (0,07; 0,37; 0,02). Sedykh i sur. (2020a) utvrdili su veću frekvenciju *GH*-C alela kod Limousin pasmine (0,71), što je bio slučaj i u predmetnom istraživanju (0,70), dok su kod Hereford pasmine zapazili veću frekvenciju *GH*-C alela (0,69), što se nije podudarno s rezultatima predmetnog istraživanja (0,25).

5.2. Polimorfizam alelnih varijanti *FASN, SCD i GH* gena sa odlikama trupa

Matsuhashi i sur. (2011). u svojim istraživanja polimorfizma *FASN* gena na g.160240A>G SNP-a nisu utvrdili značajnu povezanost s debljinom leđne masnoće Japanskih crnih goveda, dok su Raza i sur. (2018) na tri SNP-a (g.12740 C>T; g.13192 T>C i g.13232 C>T) *FASN* gena kod Qinchuan goveda utvrdili povezanost ($p<0,05$) *FASN*-TT genotipa g.13192 T>C SNP s debljinom supkutane leđne masnoće. Odnos debljine supkutane leđne masnoće obzirom na *FASN* genotipove bio je TT > TC > CC. Ostali *FASN* SNP-ovi nisu imali značajan utjecaj na zamašćenost trupova junadi. U predmetnom istraživanju na g.17924 G>A SNP-u *FASN* gena odnos genotipova je GA > GG > AA.

Mwangi i sur. (2022) istraživanjem polimorfizma *FASN* gena na SNP poziciji g.50784533 C>G nisu utvrdili značajnu povezanost sa stupnjem zamašćenosti i debljinom supkutanog masnog tkiva, no zapažaju da je stupanj zamašćenosti i debljina supkutanog masnog tkiva bila

najizraženija kod *FASN*-GG genotipa, potom kod *FASN*-CG genotipa te najmanje izražena kod *FASN*-CC genotipa. U predmetnom istraživanju nisu zapažene značajne povezanosti polimorfizma *FASN* gena na SNP poziciji g.17924>G s debljinom supkutanog masnog tkiva, odnos *FASN* genotipova naspram debljine supkutanog masnog tkiva je GA > GG > AA, dok je ocjena zamašćenosti junećeg trupa izraženija kod *FASN*-GG genotipa nego kod *FASN*-GA i *FASN*-AA genotipova.

Oh i sur. (2011) su u istraživanja na Hanwoo korejskim govedima istraživali povezanost polimorfizma tri SNP nukleotidne pozicije na *SCD* genu sa odlikama zamašćenosti junećih trupa. Nisu utvrdili povezanost polimorfizma *SCD* gena na masu trupa i debljinu supkutanog masnog tkiva, no utvrđena je značajna povezanost sa sadržajem intramuskularnog masnog tkiva (mramoriranosti mesa). Oh i sur. (2011) su utvrdili povezanost polimorfizma na drugim SNP pozicijama *SCD* gena (g.10153 A>G, g.10213 T>C; g.10329 C>T) sa sadržajem intramuskularnog masnog tkiva u mesu junadi (p<0,05). Heterozigotni genotipovi ranije navedenih SNP pozicija *SCD* gena (*SCD*-GA, *SCD*-CT i *SCD*-CT) povezani su a većim stupnjem mramoriranosti junećeg mesa. U predmetnom istraživanju na g.8586 T>C SNP-u *SCD* gena značajno veći (p<0,100) udio masnog i vezivnog tkiva u rebrenom isječku zapažen je kod *SCD*-TT genotipa u odnosu na *SCD*-CC i *SCD*-CT genotipove (TT > CC > CT). Međutim, uočena je značajna razlika (p<0,001) između *SCD*-TT vs. CT/CC genotipa i između heterozigota *SCD*-CT vs. TT/CC homozigotnih genotipova (p<0,001), dok je stupanj mramoriranosti imao najvišu vrijednost kod TT > CC > CT genotipa.

Mwangi i sur. (2022) su na SNP poziciji g.21275851 C>A *SCD* gena utvrdili značajnu povezanost (p=0,02) i najveću vrijednost zamašćenosti trupa. Značajnu vrijednost debljine supkutane leđne masnoće (p<0,01) imao je CC > CA > AA genotip, što se može primijetiti i u predmetnom istraživanju gdje je homozigotni TT genotip kod *SCD* g.8586 C>T SNP-a imao najvišu vrijednost zamašćenosti u odnosu na CT > CC genotip, dok je *SCD*-CC genotip imao najveću vrijednost debljine supkutanog masnog tkiva u odnosu na TT > CT genotipove.

Han i sur. (2010) u svojem istraživanju na Hanwoo korejskim govedima nisu uočili značajnu povezanost polimorfizma *GH* gena s klaoničkim odlikama trupa na 127 kodonu *GH* gena. Međutim zapazili su da je debljina supkutanog masnog tkiva bila veća kod jedinki *GH*-CC genotipa naspram *GH*-CG i *GH*-GG genotipova (12,22 vs. 11,93 vs. 11,79), što je usporedivo s rezultatima predmetnog istraživanja (3,18 vs. 2.58 vs. 2,30). Ocjena zamašćenosti kod Oh i sur. (2010) bila najviša kod CC > GG > CG genotipa u odnosu na predmetno istraživanje gdje je najveća vrijednost bila kod heterozigotnog genotipa CG > CC > GG.

Pećina i sur. (2019) su istražujući *GHR* gen na populaciji Simmental i križanaca SIM x HOL pasmine došli do značajnih razlika između ispitivanih osobina genotipa i kakvoće trupova

(p<0,05). Jedinke s *GHR*-AA genotipom imale značajno viši sadržaj masnog tkiva u usporedbi s jedinkama *GHR*-GA (p<0,05) i *GHR*-GG (p<0,001) genotipova (21,95 vs. 19,35/16,33), što se podudaralo s rezultatima predmetnog istraživanja.

5.3. Polimorfizam alelnih varijanti *FASN*, *SCD* i *GH* gena na sadržaj masnih kiselina

U populaciji uključenoj u predmetno istraživanje nije uočen značajan učinak g.17924A>G *FASN* polimorfnih varijanti gena na sadržaj i odnose masnih kiselina u goveđem mesu. Međutim, neke prethodne studije (Maharani i sur., 2012; Yeon i sur., 2013) ukazuju na povezanost g.17924A>G SNP varijante *FASN* gena sa sadržajem masnih kiselina u goveđem mesu. U predmetnom istraživanju nije utvrđen značajan utjecaj polimorfizma na sadržaj većine masnih kiselina, izuzev nezasićenih masnih kiselina, nondecenske (p=0,013) i nervonske (p=0,029). Dominantnost g.17924G varijante *FASN* gena (0,66) u predmetnom istraživanju uočena je u brojnim prethodnim studijama (Maharani i sur., 2012; Yeon i sur., 2013; Papaleo Mazzucco i sur., 2016). U populaciji Hanwoo goveda učestalost g.17924G varijante *FASN* gena je 0,81 (Yeon i sur., 2013), što je potvrđeno u istraživanju Maharani i sur. (2012). Oh i sur. (2012) također su pronašli dominaciju g.17924G varijante *FASN* gena u populaciji korejskih goveda (0,73).

Papaleo Mazzucco i sur. (2016) uočili su dominaciju g.17924G varijante *FASN* gena u Hereford populaciji (0,72), a u populaciji Angus goveda učestalost g.17924A varijante *FASN* gena je bila 0,69. Cancino-Baier i sur. (2021) su uočili dominaciju g.17924G varijante *FASN* gena u populaciji Holstein volova (0,62). U predmetnom istraživanju dominacija g.17924G varijante *FASN* gena utvrđena je kod svih križanih pasmina (HOL x SIM, HOL x BB, HOL x PIE te HOL x LIM; 0,65, 0,75, 0,63 te 0,60) i većine čistokrvnih pasmina (SIM i CH; 0,75), što se poklapa i s prethodnim istraživanjima autora Papaleo Mazzucco i sur. (2016) i Cancino-Baier i sur. (2021). Jedino je Hereford pasmina imala dominaciju g.17924A varijante *FASN* gena (0,69) u rezultatima predmetnog istraživanja.

Abe i sur. (2009) u istraživanjima na japanskim crnim govedima utvrdili su značajne učinke (p=0,05) *FASN* genotipa kod g.17924A>G SNP-a na C14:0, C14:1, C16:0, C16:1 i C18:1 sadržaj masnih kiselina.

Bhuiyan i sur. (2009) su na Hanwoo korejskim govedima proveli istraživanje SNP g.17924 varijante *FASN* gena i dobili rezultate koji su ukazali značajne (p<0,05) udjele pojedinih masnih kiselina. C16:0 imala je značajno najmanji udio kod *FASN*-GG genotipa, dok je C18:1 nezasićena masna kiselina imala najveći udio kod *FASN*-GG genotipa. Zbrini udjeli SFA imali

su značajno najmanji udio također kod *FASN*-GG genotipa. MUFA i PUFA zbirni udio masnih kiselina imali su najveći udio kod *FASN*-GG genotipa. Rezultati istraživanja Bhuiyan i sur. (2009) su utvrdili da je C18:1 imala najmanji udio kod *FASN*-GG genotipa, dok je C18:1 u predmetnom istraživanju najveći udio imala kod *FASN*-AA genotipa. Najmanji zbirni udio SFA utvrđen je kod *FASN*-GG genotipa, a PUFA zbirni udio je bio najveći kod *FASN*-GG genotipa u istraživanju Bhuiyan i sur. (2009). U predmetnom istraživanju zbirni udio SFA kod *FASN*-GG genotipa imala je najmanji udio, zbirni udio PUFA masnih kiselina bio je najveći kod *FASN*-GG genotipa, što se poklapalo s rezultatima istraživanja Bhuiyan i sur. (2009). Zbirni udio MUFA masnih kiselina bio je najmanji kod *FASN*-GA genotipa kod Bhuiyan i sur. (2009) dok je kod predmetnog istraživanja on imao najmanji udio kod *FASN*-GG genotipa. Kod komercijalnih križanaca kanadskih Angusa x Charolais goveda u istraživanju autora Li i sur. (2012) SNP g.17924 *FASN* gena povezan je s nižim sadržajem C14:0 masne kiseline, ali višim sadržajem C18:1 i MUFA zbirnog udjela masnih kiselina kod *FASN*-GG genotipa. Ti rezultati se jednim dijelom slažu s rezultatima predmetnog istraživanja gdje je utvrđena niža razina C14:0 masne kiseline kod *FASN*-AA genotipa, dok su razine C18:1 i zbirni udjeli MUFA masnih kiselina bile više kod *FASN*-AA genotipa.

Istraživanje koje su proveli Maharani i sur. (2012) na korejskim Hanwoo govedima utvrdili su da je g.17924A>G varijanta *FASN* gena povezana sa sastavom masnih kiselina u mišiću goveda. Maharani i sur. (2012) su utvrdili da su goveda s *FASN*-GG genotipom imala niži udio C14:0, C16:0 i ukupni sadržaj SFA te viši sadržaj C18:1 i ukupni sadržaj MUFA zbirnog udjela masnih kiselina u ukupnim lipidima od životinja s *FASN*-AA genotip, gdje su istu povezanost primijetili Zhang i sur. (2008b) u istraživanjima kod Angus bikova. U predmetnom istraživanju je udio svih navedenih masnih kiselina; C14:0, C16:0, C18:1 te ukupni sadržaj SFA i MUFA bila niža kod *FASN*-GG genotipa. Zbirni udio SFA masnih kiselina kod Maharani i sur. (2012) bio je najniži kod *FASN*-GG genotipa što se usporedivo s rezultatima u predmetnom istraživanju. Maharani i sur. (2012) su PUFA zbirne udjele imali veće kod *FASN*-AA genotipa (4,53 vs. 10,47), dok su MUFA zbirni udjeli bili najveći kod *FASN*-GA genotipa (54,92 vs. 42,21), dok je u predmetnom istraživanju zbirni udio PUFA masnih kiselina bio veći kod *FASN*-GG genotipa, a zbirni udio MUFA kod *FASN*-AA genotipa.

Oh i sur. (2012) utvrdili su da je g.17924A>G SNP *FASN* gena utjecao na sadržaj C14:0, C16:0, C18:0, C14:1, C18:1, C18:2 n-6, C18:3 n-3, SFA i MUFA (p<0,05) masnih kiselina. Oh i sur. (2012) su na korejskim govedima utvrdili da je AA genotip g.17924A>G SNP *FASN* gena bio povezan s većim udjelom C14:0, C16:0 i C18:0 masnih kiselina i manjim udjelom C18:1 masne kiseline u MLD-u te su izvijestili da je SNP g.17924A>G *FASN* gena imao značajan učinak na supkutanu masnoću korejskih goveda.

Rezultati istraživanja grupe autora Kaplanove i sur. (2013) nisu utvrdili značajan utjecaj FASN gena na zbirne udjele SFA, MUFA ili PUFA masnih kiselina, no uočili su značajnu razliku sadržaja miristinske, miristoleinske, i palmitinske masne kiseline u svojim istraživanim pasminama (p<0,05, AG > GG). Miristinska kiselina imala najveći udio kod *FASN*-GA genotipa dok je kod Kaplanove i sur. (2013) bio viši kod *FASN*-AA genotipa (2,62 vs. 2,67). Miristoleinska masna kiselina imala je u najveći udio kod *FASN*-AA genotipa u slučaju Kaplanove i sur. (2013) i predmetnog istraživanja (0,55 vs. 0,47). Palmitinska masna kiselina u predmetnom istraživanju najveći udio imala je kod *FASN*-AA genotipa, dok je kod Kaplanove i sur. (2013) ona bila utvrđena kod *FASN*-GA genotipa (24,54 vs. 27,96). Rezultati predmetnoga istraživanja također su se podudarali i u zbirnom udjelu MUFA i PUFA masnih kiselina s rezultatima Kaplanove i sur. (2013) gdje je najveći udio u oba slučaja bio utvrđen kod *FASN*-AA genotipa, dok je zbirni udio SFA masnih kiselina bio veći kod *FASN*-GA genotipa.

Slični rezultati bili su potvrđeni i u rezultatima istraživanja autora Barton i sur. (2016) koji su svoja istraživanja proveli na Fleckvieh pasmini goveda. Životinje s *FASN*-AA genotipom imale su veće udjele C14:0, C16:0, C14:1 n-5, i SFA masnih kiselina u supkutanoj masti, dok su udjeli C18:1 n-9 i MUFA te omjer MUFA/SFA masnih kiselina bili niži kod životinja s *FASN*-GG genotipom. Usporedno s rezultatima predmetnog istraživanja C14:0, C14:1, C16:0, C18:1 i MUFA masne kiseline imale su veće udjele kao i rezultati istraživanja Barton i sur. (2016) kod *FASN*-AA genotipa, dok je omjer MUFA/SFA masnih kiselina bio niži kod životinja s *FASN*-GA genotipom.

Papaleo Mazzucco i sur. (2016) u svojim istraživanjima na Hereford pasmini utvrdili su veće udjele C14:0, C16:0 i C16:1 masnih kiselina kod *FASN*-AA genotipa u odnosu na *FASN*-GG genotip, dok je C18:1 masna kiselina imala niži udio kod *FASN*-AA genotipa. U rezultatima predmetnog istraživanja C14:0, C16:0, C16:1, C18:1 masne kiseline imale su također više udjele kod *FASN*-AA genotipa.

Uspoređujući rezultate istraživanja Oh i sur. (2009), Kaplanove i sur. (2013) i Barton i sur. (2016) s rezultatima predmetnog istraživanja može se uvidjeti da se većina rezultata predmetnog istraživanja podudara s većinom navedenih autora. Uspoređujući dalje, g.17924G>A SNP varijantu *FASN* gena rezultati predmetnog istraživanja pokazali su da su zasićene masne kiseline, C14:0, C16:0 te C18:0, potvrdile najmanji udio kod *FASN*-GG homozigota u odnosu na GA/AA genotipove (tablica 19.), što se može usporediti s rezultatima autora Kaplanova i sur. (2013). Veće udjele C14:0 i C16:0 masnih kiselina utvrđeni su kod *FASN*-AA genotipa što se poklapa sa rezultatima grupe autora Maharani i sur. (2012), Li i sur. (2012) i Papaleo Mazzucco i sur. (2016).

Beak i sur. (2019) utvrdili su kod SNP rs41919985 *FASN* gena da je *FASN*-GA genotip bio značajno povezan s većim udjelom C20:5 n-3 masne kiseline (p=0,031) što nije bio slučaj s rezultatima predmetnog istraživanja gdje je C20:5 n-3 imala veći udio kod *FASN*-GG genotipa. Beak i sur. (2019) kod *FASN*-AA genotipa utvrdili su značajnu povezanost s nižom koncentracijom C20:3 n-6 masne kiseline u odnosu na *FASN*-GG genotip (p<0,05), što je istovjetno rezultatima u predmetnom istraživanju gdje je niži udio C20:3 n-6 masne kiseline bio utvrđen kod *FASN*-AA genotipa.

Razlike u pasmini, populaciji i okolišnim čimbenicima može objasniti nesklad učinka *FASN* gena na sastav masnih kiselina. Gledajući međusobni odnos udjela masnih kiselina kod predmetnog istraživanja u usporedbi s istraživanjima drugih autora (Oh i sur., 2009, Kaplanova i sur., 2013, Barton i sur., 2016; Pappaleo Mazzucco i sur., 2016; Beak i sur., 2019) može se zaključiti da je *FASN*-GA genotip kod većine istraživanih masnih kiselina imao najveći udio. U predmetnom istraživanju najveći broj istraživanih jedinki upravo je imao utvrđen najveći udio masnih kiselina kod *FASN*-GA genotipa.

U ispitivanoj populaciji primijećeni su učinci polimorfnih varijanti g.8586 C>T SNP-a kod *SCD* gena na masnoću trupova i sadržaj masnih kiselina goveđeg mesa. Dominantnost g.8586T varijante *SCD* gena u ispitivanoj populaciji predmetnog istraživanja kod *SCD*-TT genotipa (0,72) uočena je i na drugim populacijama goveda. Maharani i sur. (2012) pokazali su određenu dominantnost g.8586T varijante *SCD* gena u populaciji Hanwoo goveda (0,60), dok su Papaleo Mazzucco i sur. (2016) uočili dominaciju g.8586T varijante *SCD* gena u populaciji Angus i Hereford goveda (0,68 odnosno 0,71), što se podudaralo i u predmetnom istraživanju Hereford pasmine gdje je uočena dominantnost T alelna *SCD* gena, (0,56) odnosno *SCD*-CT genotipa (CT > TT> CC; 0,49). Kod svih istraživanih pasmina utvrđena je dominantnost T alelne varijante g.8586 varijante *SCD* gena gdje je najveća utvrđena kod križanaca HOL x PIE i HOL x LIM pasmine (0,85) odnosno TT > CT > CC genotipa (0,723). Međutim g.878 T>C SNP varijanta *SCD* gena utvrdila je veće udjele masnih kiselina pokazala je kod Barton i sur. (2010), Aviles i sur. (2013), Kaplanova i sur. (2013) i Dujkova i sur. (2015) u C alelnoj varijanti gena.

Barton i sur. (2010) su u svojim istraživanjima na Fleckvieh bikovima ustanovili da je većina imala c.878 C alelnu varijantu *SCD* gena (0,55), odnosno CT > CC > TT genotip (0,46). Isti rezultati Bartona i sur. (2010) bili su utvrđeni i u istraživanjima Aviles i sur. (2013) na španjolskim komercijalnim pasminama goveda. Aviles i sur. (2013) utvrdili su kod g.878 T>C SNP-a veći broj C alelne varijante *SCD* gena (0,61) i CT > CC >TT genotipa (0,44). Kaplanova i sur. (2013) na križanim pasminama Charolais i Simmental goveda kod g.878 T>C SNP-a imali su C alelnu varijantu *SCD* gena (0,58) i CT > CC > TT genotip (0,59), kao što su to u

svojim rezultatima utvrdili i Dujkova i sur. (2015) na Angusima i Blonde d'Aquitaine govedima gdje je g.878 T>C SNP SCD gena pokazao veći broj C alelna varijante (0,56) te CT > CC > TT genotip (0,45).

Mnogi autori ukazuju na vezu između *SCD* gena i sastava masnih kiselina kod japanskog crnog goveda (Schennink i sur., 2008; Matsuhashi i sur., 2011), Fleckvieh bikova (Barton i sur., 2010), ali i Brangus volova (Baeza i sur., 2013). U istraživanoj populaciji utvrđen je utjecaj polimorfne varijantie g.8586 C>T SNP *SCD* gena na masne kiseline. Ardiyanti i sur. (2009) u svojim su istraživanjima utvrdili da supstitucija nukleotida na g.8586 C>T SNP-u na kodonu *SCD* gena je značajno (p<0,05) povezana sa C14:0, C16:0, C18:1, C20:1 n-9, C20:5 n-3, SFA, MUFA i omjerima MUFA/SFA i UFA /SFA masnih kiselina kod japanskog crnog goveda. Maharani i sur. (2012) nisu primijetili da g.8586 C>T SNP kod *SCD* gena ima značajan učinak na profil masnih kiselina u Hanwoo goveda.

Barton i sur. (2010) u svojim su istraživanjima g.878 T>C varijante *SCD* gena na Fleckvieh govedima utvrdili značajan utjecaj C14:1, C18:0, C18:1, masnih kiselina te SFA, MUFA i MUFA/SFA zbirnih udjela masnih kiselina. Od toga su C14:1, C18:1 i MUFA imale veće udjele kod *SCD*-CC genotipa dok su C18:0 i SFA imale kod *SCD*-TT genotipa. Rezultati predmetnog istraživanja u suglasju s istraživanjem Barton i sur. (2010) koji su također utvrdili veći sadržaj MUFA te posebno C14:1 masne kiseline kod *SCD*-CC genotipa, dok je C18:1 i SFA zbirni udio masnih kiselila bio veći kod *SCD*-TT genotipa.

Matsuhashi i sur. (2011) primijetili su kod japanskih crnih goveda da g. 878 T>C polimorfizam *SCD* gena ima učinke na miristinsku kiselinu (p<0,001), miristoleinsku kiselinu (p<0,001), stearinsku kiselinu (p<0,001), oleinsku kiselinu (p<0,001) i MUFA (p<0,001) zbirne udjele masnih kiselina. Narukami i sur. (2011) su u svojim istraživanjima na Holstein pasmini goveda utvrdili da je g.878 T>C varijanta *SCD* gena pokazala značajne učinke C14:0, C14:1, C18:1 i SFA zbirne udjele masnim kiselinama. Maharani i sur. (2012) su utvrdili da g.8586 C>T SNP u *SCD* genu ima značajan učinak na što C14:1 u Hanwoo goveda (p<0,01). Nadalje, Maharani i sur. (2012) su utvrdili da su zasićene masne kiseline, C:14:0, C16:0, C18:1 i MUFA zbirni udio kod *SCD*-CT heterozigotnog genotipa imali najniži udio, što se podudaralo s rezultatima predmetnog istraživanjima. U skladu s rezultatima Maharani i sur. (2012) na japanskom crnom govedu, značajno veći (p<0,05) udio C14:1 i C18:1 masnih kiselina u intramuskularnoj masnoći utvrđen je kod *SCD*-CC genotipa. Rezultati predmetnog istraživanja u suglasju su s rezultatima Maharani i sur. (2012), gdje su veći udjeli C14:1 i C18:1 masnih kiselina bili utvrđeni na istom *SCD*-CC genotipu kao i u istraživanjima Maharani i sur. (2012).

Dujkova i sur. (2015) su istraživanjem utvrdili da g.878 T>C SNP *SCD* gena na Angus i Blonde d'Aquitaine govedima nisu imali statistički značajni udio među masnim kiselinama. Zasićene

masne kiseline, C18:0 imala je najniži udio kod TT < CT < CC genotipa dok je u predmetnom istraživanju on bio najniži kod *SCD*-CC genotipa (CC < TT < CT). Linolna masna kiselina, C18:2 imala je najveći udio kod *SCD*-TT genotipa kod Dujkove i sur. (2015) dok je u predmetnom istraživanju bila utvrđena kod *SCD*-CT genotipa. Gledajući usporedbu homozigota u predmetnom istraživanju, linolna kiselina imala je značajan udio (p=0,053) kod *SCD*-TT genotipa u odnosu na *SCD*-CC genotip (6,92 vs. 5,65) što je usporedivo i s istraživanjima Dujkove i sur. (2015). Zbirni udio SFA imao je najmanji udio kod *SCD*-TT genotipa što se također podudaralo s rezultatima predmetnog istraživanja, gdje je TT/TC omjer genotipova u predmetnom istraživanju bio nizak u usporedbi s *SCD*-CC genotipom (44,73 vs. 46,07; p=0,008), što su utvrdili i Dujkova i sur. (2015) (32,28 vs. 35,32), međutim udio PUFA masnih kiselina bio je kod Dujkove i sur. (2015) niži kod *SCD*-TT genotipa u odnosu na predmetno istraživanje gdje je bio veći udio kod *SCD*-CC genotipa. Omjer ω-6/oω-3 masnih kiselina kod Dujkove i sur. (2015) bio je najniži kod *SCD*-CC genotipa, dok je u predmetnom istraživanju bio kod *SCD*-TT genotipa (6,36 vs. 18,30). Međutim, autori Papaleo Mazzuccio i sur. (2016) nisu utvrdili značajne razlike kod rs41255693 SNP-a *SCD* gena u svojim istraživanjima na Angus i Hereford pasmini goveda.

U predmetnom istraživanju g.2141C varijanta *GH* gena imala je najveću frekvenciju kod HOL x BB pasmine (0,92). Maharani i sur. (2012) pronašli su veću rasprostranjenost g.2141C varijante *GH* gena u populaciji Hanwoo goveda (0,93). Kaneda i sur. (2011) utvrdili su da je g.2141C varijante gena *GH* u devet pasmina goveda iz skupine *Bos taurus* i *Bos indicus* bila (0,983-0,800). Fedota i sur. (2017) su na Angus pasmini utvrdili polimorfizam G alelne varijante *GH* gena (0,68), dok Putra i sur. (2016) kod Simmental pasmine nisu utvrdili polimorfizam *GH*-GG genotipa, već im je najveća frekvencija bila kod *GH*-CG genotip (0,73), a alel C (0,63). Dubovskova i sur. (2019) su u svojim istraživanjima na Hereford pasmini također utvrdili polimorfizam *GH*-CC genotipa (0,78), odnosno C alelne varijante g.2141 *GH* gena (0,64).

Sugita i sur. (2014) su na japanskim crnim govedima uspoređivali dvije SNP pozicije (g. 253, g. 303) *GH* gena, gdje su utvrdili značajne razlike kod g.253 SNP-a kod C14:0 masne kiseline gdje je najveći udio bio kod *GH*-GG genotipa, odnosno kod SNP-a g.303 kod *GH*-CC genotipa (2,8 vs. 2,9). Uspoređujući su sa rezultatima predmetnog istraživanja gdje je najveći udio imala kod CG genotipa (2,72). Rezultati palmitinske (C16:0) masne kiseline su kod Sugite i sur. (2014) pokazali kod g.253 SNP-a kod *GH*-CG genotipa, dok je kod g.303 SNP-a utvrđen veći udio kod *GH*-CC genotipa. U predmetnom istraživanju palmitinska kiselina je kod g.2141 C>G SNP-a *GH* gena pokazala je značajan (p=0,001) udio kod *GH*-CG genotipa što se podudaralo sa g.253 SNP-om *GH* gena Sugite i sur. (2014). Sugita i sur. (2014) utvrdili su značajne udjele ($p<0,05$) kod stearinske (C18:0) masne kiseline gdje je najveći udio kod g.253 SNP varijante bio kod *GH*-CC genotipa, što se podudaralo sa rezultatima predmetnog istraživanja, dok je

kod, g.303 SNP varijante *GH* gena bila utvrđena kod *GH*-GG genotipa. Linolna masna kiselina (C18:2 n-6) je kod g.253 SNP varijante imala najveći udio kod *GH*-CC genotipa, odnosno *GH*-CG genotipa kod g.303 SNP varijante, dok je u predmetnom istraživanju utvrđen značajno (p=0,016) veći udio kod *GH*-GG genotipa. Uspoređujući zbirne udjele zasićenih masnih kiselina najmanji udio je kod Sugite i sur. (2014) bio utvrđen kod *GH*-CC genotipa na g.253 SNP poziciji *GH* gena, dok je na g.303 SNP poziciji bio kod *GH*-CG genotipa. Rezultati predmetnog istraživanja su utvrdili da je značajno (p=0,004) najmanji udio kod g.2141 SNP pozicije *GH* gena bio utvrđen kod *GH*-GG genotipa. Najveći udio nezasićenih masnih kiselina u predmetnom istraživanju bio je utvrđen kod *GH*-CG genotipa što je usporedivo s rezultatima Sugita i sur. (2014) kod g.303 SNP pozicije (45,47 vs.t 57,9) odnosno kod g.253 SNP pozicije kod *GH*-CC genotipa.

Maharani i sur. (2012) nisu utvrdili utjecaj polimorfnih alelnih varijanti na poziciji g.2141 *GH* gena, premda su utvrdili najveći sadržaj C14:0 masne kiseline kod *GH*-CG genotipa, kao što je bio slučaj i u predmetnom istraživanju (3,05 vs. 2,72). Nadalje, palmitinska kiselina (C16:0) imala je značajan (p=0,001) udio u predmetnom istraživanju i najveći udio kod *GH*-CG genotipa, što je usporedivo s rezultatima istraživanja Maharani i sur. (2012) (25,05 vs. 26,11). Oleinska (C18:1) masna kiselina najveći udio u predmetnom istraživanju imala je kod *GH*-CG genotipa, linolna (C18:2 n-6) masna kiselina je imala najmanji udio, što je usporedno s istraživanjima Maharani i sur. (2012). Nadalje, uspoređujući rezultate zbirnog udjela masnih kiselina zapažane su značajne razlike, gdje je najmanji udio SFA u predmetnom istraživanju bio značajno (p=0,004) utvrđen kod *GH*-GG genotipa, dok su Maharani i sur. (2012) ga utvrdili kod *GH*-CC genotipa. Veći udio MUFA i PUFA masnih kiselina u predmetnom istraživanju bio je utvrđen kod *GH*-CG genotipa odnosno *GH*-GG genotipa, što se razlikovalo od istraživanja Maharani i sur. (2012) koji su imali viši udio MUFA kod *GH*-CC genotipa, odnosno PUFA kod *GH*-CG genotipa.

Sedykh i sur. (2020b) su u svojim istraživanjima g.127 SNP-a GH gena na dvije različite pasmine utvrdili da kod Hereford pasmine dominantnost je bila kod *GH*-CC genotipa (0,47) odnosno C alelne varijante *GH* gena (0,69). Na Limousin pasmini, također su utvrdili dominantnost *GH*-CC genotipa (0,52), odnosno C alela *GH* gena (0,71). Rezultati predmetnog istraživanja su kod g.2141 C>G SNP-a utvrdili dominantnost *GH*-CC genotipa kod križanaca HOL x LIM, dok je kod Hereford pasmine dominantna je bila G alelna varijanti *GH* gena.

Bordonaro i sur. (2020) su kod Modicana krava utvrdili dominantnost *GH*-CC genotipa (0,64), te C alela g.2141 C>G SNP-a *GH* gena (0,81) što je usporedivo i s predmetnim istraživanjem. Uspoređujući masne kiseline, Bordonaro i sur. (2020) nisu imali značajnu signifikantnost kod zasićenih masnih kiselina. Miristinska (C14:0; 11,7 vs. 2,85) i stearinska (C18:0; 9,16 vs. 12,79) masna kiselina imale su veći udio kod *GH*-CG genotipa, kao što je bio slučaj s

miristinskom kiselinom u predmetnom istraživanju, dok je stearinska masna kiselina imala najviši udio kod *GH*-CC genotipa. U predmetnom istraživanju palmitinska (C16:0) masna kiselina pokazala je značajni (p=0,001) udio kod *GH*-CG genotipa (25,05) dok je kod Bordonaro i sur. (2020) ona bila viša kod *GH*-CC genotipa (29,2). Nadalje, u predmetnom istraživanju uspoređujući *GH*-CC genotip s *GH*-GG/CG genotipovima, palmitinska kiselina imala je značajni udio (p<0,001) kod GG/CG genotipova u odnosu na *GH*-CC genotip. Oleinska (C18:1) masna kiselina najviši udio u predmetnom istraživanju imala je kod *GH*-CG genotipa (39,52), što se podudaralo i s istraživanjima Bordonaro i sur. (2020) (37,44).

Uspoređujući zbirne udjele masnih kiselina, SFA je kod Bordonaro i sur. (2020) imala najmanji udio kod *GH*-CG genotipa, što se nije podudaralo s rezultatima predmetnog istraživanja gdje je najmanji udio utvrđen kod *GH*-GG genotipa. Veći udio MUFA bio je utvrđen kod *GH*-CC genotipa kod istraživanja Bordonaro i sur. (2020) dok je u predmetnom istraživanju bio kod *GH*-CG genotipa, a PUFA zbirni udio se također razlikovao jer je kod navedenih autora bio najveći kod *GH*-CG genotipa, dok je u predmetnom istraživanju bio značajno (p=0,020) viši kod *GH*-GG genotipa.

6. ZAKLJUČCI

H1: Unutar populacije goveda prisutan je polimorfizam kodogenih regija *FASN*, *SCD* i *GH* gena

Unutar istraženih populacija goveda utvrđen je polimorfizam kodogenih regija *FASN*, *SCD* i *GH* gena. U šest od sedam populacija dominirala je alelna G varijanta *FASN* gena u frekvenciji od 0,60 do 0,75. U pogledu alelnih varijanti *SCD* gena, dominira T alelna varijanta u šest populacija i to u frekvenciji od 0,56 do 0,85. Zastupljenost alelnih varijanti *GH* gena dominira C alelna varijanta *GH* gena u frekvenciji od 0,625 do 0,925. Zapaženi polimorfizam kodogenih regija *FASN*, *SCD* i *GH* gena čini mogućom selekciju na poželjne alelne varijante istraživanih gena.

H2: Jedinke s *FASN*-G i *GH*-C alelnom varijantama gena imat će veću zamašćenost trupa i manji sadržaj zasićenih masnih kiselina u mesu

Premda su pokazatelji zamašćenosti trupa veći kod jedinki kod kojih je determinirana G alelna varijanta *FASN* gena, razlike u zamašćenosti trupa naspram jedinki s determiniranom A varijantom *FASN* gena nisu bile značajne. Pokazatelji zamašćenosti trupa jedinki kod kojih je determinirana C alelna varijanta *GH* gena nisu značajno različiti naspram trupova jedinki s determiniranom G alelnom varijantom *GH* gena. Međutim, trupovi heterozigontih jedinki (*GH*-CG) naspram trupova homozigotnih jedinki imali su veću zamašćenost trupa mjerenu prema EUROP sustavu (p=0,003). U mesu homozigotnih jedinki AA genotipa *FASN* gena zapažena je najniža vrijednost n-6/n-3 PUFA indeksa (p<0,003). U mesu homozigotnih jedinki GG/GC genotipa *GH* gena u odnosu na *GH*-CC genotip utvrđen je veći sadržaj zasićenih masnih kiselina (p=0,001) te manji sadržaj n-3 i n-6 PUFA (p=0,040; p=0,005), što se odražava na vrijednosti n-6/n-3 PUFA indeksa (p<0,001).

H3: Jedinke s *SCD*-T alelnom varijantom gena imat će manju zamašćenost trupa i veći sadržaj nezasićenih masnih kiselina u mesu

Pokazatelji zamašćenosti trupa jedinki kod kojih je determinirana T alelna varijanta *SCD* gena nisu značajno različiti naspram trupova jedinki s determiniranom C alelnom varijantom *SCD* gena. Međutim, homozigotne *SCD*-TT jedinke naspram heterozigontih *SCD*-TC/CC jedinki imali su veću zastupljenost masnog i vezivnog tkiva u rebrenom isječku (p=0,001) i veći sadržaj masnog tkiva u MLD-u (p=0,021). Nije utvrđen utjecaj T alelne varijanta *SCD* gena na veći sadržaj nezasićenih masnih kiselina u mesu, no u mesu homozigotnih TT jedinki *SCD* gena naspram *SCD*-CC/CT genotipova zapažen je manji sadržaj SFA (p=0,008) te veći sadržaj MUFA (p=0,039), što se odražava i na odnosu MUFA/SFA (p=0,001).

7. POPIS LITERATURE

1. Abbas K.A., Mohamed A., Jamilah B. (2009). Fatty acids in fish and beef and their nutritional values: a review. Journal of Food Agricultural Environment, 7(3–4): 37–42.
2. Abe T., Saburi J., Hasebe H., Nakagawa T., Misumi S., Nade T., Kobayash, E. (2009). Novel mutations of the *FASN* gene and their effect on fatty acid composition in Japanese black beef. Biochemical Genetics, 47(5–6): 397–411. http://dx.doi.org/10. 1007/s10528-009-9235-5.
3. Akcay A., Akyuz B., Bayram D. (2015). Determination of the Alui polymorphism effect of bovine growth hormone gene on carcass traits in Zavot cattle with analysis of covariance. Turkish Journal of Veterinary and Animal Science 39: 16-22.
4. Aldai N., Najera A.I., Dugan M.E., Celaya R., Osoro K. (2007). Characterisation of intramuscular, intermuscular, and subcutaneous adipose tissues in yearling bulls of different genetic groups. Meat Science 76: 682–691.
5. Alim M.A., Fan Y.P., Wu X.P., Xie Y., Zhang Y., Zhang S.L., Sun D.X., Zhang Y., Zhang Q., Liu L. (2012). Genetic effects of stearoyl-coenzyme A desaturase (*SCD*) polymorphism on milk production traits in the Chinese dairy population. Molecular Biology Report 39 (9): 8733–8740.
6. Ardiyanti A., Oki Y., Suda Y., Suzuki K., Chikuni K., Obara Y., Katoh K. (2009). Effects of *GH* gene polymorphism and sex on carcass traits and fatty acid compositions in Japanese Black cattle. Animal Science Journal. 80 (1): 62–69.
7. Avilés C., Polvillo O., Peña F., Juárez M., Martínez A.L., Molina A. (2013). Associations between DGAT1, FABP4, LEP, RORC, and *SCD*1 gene polymorphisms and fat deposition in Spanish commercial beef1. Journal of Animal Science 91 (10): 4571–4577. doi:10.2527/jas.2013-6402
8. Baeza M.C., Corva P.M., Soria L.A., Pavan E., Rincon G., Medrano J.F. (2013). Genetic variants in a lipid regulatory pathway as potential tools for improving the nutritional quality of grass-fed beef. Animal Genetics 44 (2): 121–129. doi:10.1111/j.1365-2052.2012.02386.x
9. Bartoň L., Bureš D., Kott T., Řehák D. (2016). Associations of polymorphisms in bovine DGAT1, FABP4, *FASN*, and PPARGC1A genes with intramuscular fat content and the fatty acid composition of muscle and subcutaneous fat in Fleckvieh bulls. Meat Science 114: 18–23. doi:10.1016/j.meatsci.2015.12.004
10. Bartoň L., Kott T., Bureš D., Řehák D., Zahrádková R., Kottová B. (2010). The polymorphisms of stearoyl-CoA desaturase (*SCD*1) and sterol regulatory element binding protein-1 (SREBP-1) genes and their association with the fatty acid profile of muscle and subcutaneous fat in Fleckvieh bulls. Meat Science 85 (1):15–20.

11. Barton L., Marounek M., Kudrna V., Bureš D., Zahradkova R. (2007). Growth performance and fatty acid profiles of intramuscular and subcutaneous fat from Limousin and Charolais heifers fed Extruded linseed. Meat Science 76: 517-523.
12. Beak S.H., Lee Y., Lee E.B., Kim K.H., Kim J.G., Bok J.D., Kang S.K. (2019). Erratum to: Study on the fatty acid profile of phospholipid and neutral lipid in Hanwoo beef and their relationship to genetic variation. Journal of Animal Science and Technology, 61:2 (69-76).
13. Berg J., Streyer L., Tymoczko J., Gatto G. (2019). Biochemistry. 9th ed. New York (NY): W.H. Freeman and Company.
14. Bhuiyan M.S.A., Yu S.L., Jeon J.T., Yoon D., Cho Y.M., Park E.W., Kim N.K., Kim K.S., Lee J.H. (2009). DNA polymorphisms in SREBF1 and *FASN* genes affect fatty acid composition in Korean cattle (Hanwoo). Asian-Australasian Journal of Animal Sciences 22 (6): 765–773. doi:10.5713/ajas.2009.80573
15. Boccard R., Buchter L., Casteels E., Cosentino E., Dransfield E., Hood D.E., Joseph R.L., MacDougall D.B., Rhodes D.N., Schön I., Tinbergen B.J., Touraille C. (1981). Procedures for measuring meat quality characteristics in beef production experiments. Report of a working group in the commission of the European communities' (CEC) beef production research programme. Livestock Production Science 8 (5): 385–397. doi:10.1016/0301-6226(81)90061-0
16. Bonanome A, Grundy S.M. (1988). Effect of dietary stearic acid on plasma cholesterol and lipoprotein levels. New England Journal of Medicine 318 (19):1244–1248.
17. Bordbar F., Jensen J., Zhu B., Wang Z., Xu L., Chang T., Xu L., Du M., Zhang L., Gao H. (2019). Identification of musclespecific candidate genes in Simmental beef cattle using imputed next generation sequencing. PLoS One. 14 (10): 13–17.
18. Bordonaro S., Tumino S., Marletta D., De Angelis A., Di Paola F., Avondo M., Valenti B. (2020). Effect of *GH* p.L127V polymorphism and feeding systems on milk production traits and fatty acid composition in modicana cows. Animals 10 (9):1651–1610.
19. Burt D.W. (2009). The cattle genome reveals its secrets. Journal of Biology. 8 (4): 36.
20. Cancino-Baier D., Muñoz E., Quiñones J., Beltrán J.F., Fuentes F., Farías J., Lorenzo J.M., Diaz R., Inostroza K., Sterman Ferraz J.B., Sepúlveda N. (2021). A non-synonymous single nucleotide polymorphism in *FASN* gene alters *FASN* enzyme activity in subcutaneous and intramuscular adipose tissue in holstein friesian steers. Annals of Animal Science 21 (1): 109–124. doi:10.2478/aoas-2020-0059
21. Chail A., Legako J.F., Pitcher L.R., Ward R.E., Martini S., Macadam J.W. (2017). Consumer sensory evaluation and chemical composition of beef gluteus medius and triceps brachii steaks from cattle finished on forage or concentrate diets. Journal of Animal Science 95 (4): 1553–1564. doi:10.2527/jas2016.1150

22. Chen J., Liu H. (2020). Nutritional indices for assessing fatty acids: A mini-review. International Journal of Molecular Science 21 (16): 1–24. doi:10.3390/ijms21165695
23. Costa A.S.H., Costa P., Alves S.P., Alfaia C.M., Prates J.A.M., Vleck V., Cassar-Malek I., Hocquette J.F., Bessa R.J.B. (2018). Does growth path influence beef lipid deposition and fatty acid composition? PLoS One 13 (4): 1–20. doi:10.1371/journal.pone.0193875
24. Dannenberger D., Nuernberg G., Scollan N., Schabbel W., Steinhart H., Ender K., Nuernberg K. (2004). Effect of diet on the deposition of n-3 fatty acids, conjugated linoleic and C18:1 trans fatty acid isomers in muscle lipids of German Holstein bulls. Journal of Agricultural and Food Chemistry 52 (21): 6607–6615.
25. De Smet S., Raes K., Demeyer D. (2004). Meat fatty acid composition as affected by fatness and genetic factors: a review. Animal Research 53(2): 81-98.
26. Di Stasio L., Sartore S., Albera A. (2002). Lack of association of *GH*1 and POU1F1 gene variants with meat production traits in Piemontese cattle. Animal Genetics 33 (1): 61–64.
27. Du M., Huang Y., Das A.K., Yang Q., Duarte M.S., Dodson M.V., Zhu M.J. (2013). Meat science and muscle biology symposium: manipulating mesenchymal progenitor cell differentiation to optimize performance and carcass value of beef cattle. Journal of Animal Science 91 (3): 1419–1427.
28. Du M., Tong J., Zhao J., Underwood K.R., Zhu M., Ford S.P., Nathanielsz P.W. (2010). Fetal programming of skeletal muscle development in ruminant animals. Journal of Animal Science 88 (13): 51–60.
29. Dubovskova M.P., Selionova M.I., Chizhova L.N., Surzhikova E.S., Gerasimov N.P., Mikhailenko A.K., Dolgashova M.A. (2019). Use of genetic markers of meat productivity in breeding of Hereford breed bulls. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science 341 (1). doi:10.1088/1755-1315/341/1/012052
30. Dujková R., Ranganathan Y., Dufek A., Macák J., Bezdíček J. (2015). Polymorphic effects of FABP4 and *SCD* genes on intramuscular fatty acid profiles in longissimus muscle from two cattle breeds. Acta Veterinaria Brno 84 (4): 327–336.
31. Enser M., Hallett K.G., Hewett B., Fursey G.A.J., Wood J.D., Harrington G. (1998). Fatty acid content and composition of UK beef and lamb muscle in relation to production system and implications for human nutrition. Meat Science 49 (3): 329–341. doi:10.1016/S0309-1740(97)00144-7
32. Eurostat – (2022). Baza podataka. Poljoprivreda, šumarstvo i ribarstvo. European Commision. (preuzeto s: https://ec.europa.eu/eurostat)
33. Faostat – (2021). Baza podataka. Food and agriculture Organization of the United Nations. European Commision. (preuzeto s: https://www.fao.org/faostat/en/#home)
34. Fedota O.M., Lysenko N.G., Ruban S.Y., Kolisnyk O.I., Goraycguk I.V. (2017). The Effects of Polymorphisms in Growth Hormone and Growth hormone Receptor Genes on

Production and Reproduction Traits in Aberdeen-Angus Cattle (Bos Taurus L., 1758). Cytology and Genetics 51(5): 352-360.

35. Folch J., Lees M., Sloane Stanley, G.H. (1957). A simple method for the isolation and purification of total lipids from animal tissues. Journal of Biological Chemistry 226: 497–509.
36. Giaretta E., Mordenti A., Palmonari A., Brogna N., Canestrari G., Belloni P., Cavallini D., Mammi L., Cabbri R., Formigoni A. (2019). NIRs calibration models for chemical composition and fatty acid families of raw and freeze-dried beef: A comparison. Journal of Food Composition and Analysis 83: 103257. doi:10.1016/j.jfca.2019.103257
37. Giri P., Mohapatra B. (2017). Encyclopedia of animal cognition and behavior. Cham, Switzerland: Springer International Publishing AG; p. 1–4.
38. Han S.H., Cho I.C., Ko M.S., Jeong H.Y., Oh H.S., Lee S.S. (2010). Effects of POU1F1 and *GH*1 genotypes on carcass traits in Hanwoo cattle. Genes and Genomics 32 (2): 105–109. doi:10.1007/s13258-009-0708-z
39. HAPIH – (2022). Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu. Govedarstvo – Godišnje izvješće 2021. (preuzeto s: https://www.hapih.hr/wp-content/uploads/2022/06/Govedarstvo-Godis%CC%8Cnje-izvjes%CC%8Cc%CC%81e-2021.pdf, 15.12.2022.)
40. Hausman G.J., Dodson M.V., Ajuwon K., Azain M., Barnes K.M., Guan L.L., Jiang Z., Poulos S.P., Sainz R.D., Smith S. (2009). bord-invited review: the biology and regulation of preadipocytes and adipocytes in meat animals. Journal of Animal Science 87 (4): 1218–1246.
41. Hirway C.D.A., Wallace P., Shen X., Nie Q., Yang G., Zhang X. (2011). Genes related to economically important traits in beef cattle. Asian Journal of Animal Science 5 (1): 34–45. doi:10.3923/ajas.2011.34.45
42. Hoashi S., Hinenoya T., Tanaka A., Ohsaki H., Sasazaki S., Taniguchi M., Oyama K., Mukai F., Mannen H. (2008). Association between fatty acid compositions and genotypes of FABP4 and LXR-alpha in Japanese Black cattle. BMC Genetics 9 (1): 3-9.
43. Hooper L., Summerbell C.D., Thompso, R., Sills D., Roberts F.G., Moore H., Davey, Smith, G. (2011). Reduced or modified dietary fat for preventing cardiovascular disease. Cochrane Database of Systematic Reviews CD002137.
44. Hwang Y.H., Joo S.T. (2017). Fatty acid profiles, meat quality, and sensory palatability of grain-fed and grass-fed beef from Hanwoo, American, and Australian crossbred cattle. Korean Journal of Food Science and Animal Resources 37 (2): 153–161. doi:10.5851/kosfa.2017.37.2.153
45. Inoue K., Shoji N., Honda T., Oyama K. (2017). Genetic relationships between meat quality traits and fatty acid composition in Japanese black cattle. Animal Science Journal 88 (1): 11–18. doi:10.1111/asj.12613

46. Jakaria Noor R.R., Martojo H., Duryadi D., Tappa B. (2009). Identification of Growth Hormone (*GH*) Gene MspI and AluI Loci Polymorphism in Beef Cattle. Animal production. The 1st International Seminar on Animal Industry 2009.
47. Jeong J., Kwon E.G., Im S.K., Seo K.S., Baik M. (2012). Expression of fat deposition and fat removal genes is associated with intramuscular fat content in longissimus dorsi muscle of Korean cattle steers. Journal of Animal Science 90 (6): 2044–2053.
48. Jiang Z., Michal J.J., Tobey D.J., Daniel, T.F., Rule D.C., Macneil, M.D. (2008). Significant associations of stearoyl-CoA desaturase (*SCD*1) gene with fat deposition and composition in skeletal muscle. International Journal of Biological Sciences 4: 345–351.
49. Kaneda M., Lin B.Z., Sasazaki S., Oyama K., Mannen H. (2011). Allele frequencies of gene polymorphisms related to economic traits in Bos taurus and Bos indicus cattle breeds. Animal Science Journal 82 (6): 717–721. doi:10.1111/j.1740-0929.2011.00910.x
50. Kaplanová K., Dufek A., Dračková E., Simeonovová J., Šubrt J., Vrtková I., Dvořák J. (2013). The association of CAPN1, CAST, *SCD*, and *FASN* polymorphisms with beef quality traits in commercial crossbred cattle in the Czech Republic. Czech Journal of Animal Science. 58 (11): 489–496
51. Kauffman R.G. (2012). Meat composition. In: Hui YH (ed) Handbook of meat and meat processing. CRC Press, Boca Raton, pp 45–61.
52. Kay J.K., Mackle T.R., Auldist M.J., Thomson N.A., Bauman D.E. (2004). Endogenous synthesis of cis-9, trans-11 conjugated linoleic acid in dairy cows fed fresh pasture. Journal of Dairy Science 87 (2): 369–378.
53. Kelly M.J., Tume R.K., Newman S., Thompson J.M. (2013). Genetic variation in fatty acid composition of subcutaneous fat in cattle. Animal Production Science 53 (2): 129–133.
54. Kris-Etherton P.M., Yu S. (1997). Individual fatty acid effects on plasma lipids and lipoproteins: human studies. American Journal of Clinical Nutrition 65: 1628–1644.
55. Kuang Chow C. (2007). Fatty Acids in Foods and their Health Implications Food Science and Technology. Taylor & Francis Group, LLC, New York.
56. Lashari P., Laghari M.Y. (2015). Current research on quantitative trait loci (QTL) in. Basic Research Journals of Agricultural Science 4 (4): 102-111.
57. Lemos M., Pereira A.S.C., Regatieri I.C., Feitosa F.L.B., Baldi F. (2017). Genetic factors that determine the meat fatty acids composition. In: Catala A, editor. Fattty acids. London: Intech Open Science; p. 221–237.
58. Lemos M.V. A., Chiaia H.L.J., Berton M.P., Feitosa F.L.B., Aboujaoud C., Camargo G.M.F., Pereira A.S.C., Albuquerque L.G., Ferrinho A.M., Mueller L.F., Mazalli M.R., Furlan J.J.M., Carvalheiro R., Gordo D.M., Tonussi R., Espigolan R., Silva R.M.D., de Oliveira H.N., Duckett S., Aguilar I., Baldi F. (2016). Genome-wide association between

single nucleotide polymorphism with beef fatty acid profile in Nellore cattle using the single step procedure. BMC Genomics 17(213).

59. Li C., Aldai N., Vinsky M., Dugan M.E.R., McAllister T.A. (2012). Association analyses of single nucleotide polymorphisms in bovine stearoyl-CoA desaturase and fatty acid synthase genes with fatty acid composition in commercial crossbred beef steers. Animal Genetics 43 (1): 93–97.
60. Lucy M.C., Hauser S.D., Eppard P.J., Krivi G.G., Clark J.H., Bauman D.E., Collier R.J. (1993). Variants of somatotropin in cattle: Gene frequencies in major dairy breeds and associated milk production. Domestic Animal Endocrinology 10: 325-333.
61. Maharani D., Jung Y., Jung W.Y., Jo C., Ryoo S.H., Lee S.H., Yeon S.H., Lee J.H. (2012). Association of five candidate genes with fatty acid composition in Korean cattle. Molecular Biology Reports 39 (5): 6113–6121. doi:10.1007/s11033-011-1426-6
62. Mannen H. (2011). Identification and utilization of genes associated with beef qualities. Animal Science Journal 82 (1): 1–7.
63. Mannen H. (2012). Genes associated with fatty acid composition of beef. FSTR. 18 (1): 1–6.
64. Mariamenatu A.H., Abdu E.M. (2021). Overconsumption of Omega-6 Polyunsaturated Fatty Acids (PUFAs) versus Deficiency of Omega-3 PUFAs in Modern-Day Diets: The Disturbing Factor for Their “Balanced Antagonistic Metabolic Functions” in the Human Body. Journal of Lipids 2021: 1–15. doi:10.1155/2021/8848161
65. Matsuhashi T, Maruyama S, Uemoto Y, Kobayashi N, Mannen H, Abe T, Sakaguchi S, Kobayashi E. (2011). Effect of bovine fatty acid synthase, stearoyl-coenzyme A desaturase, sterol regulatory element-binding protein 1, and growth hormone gene polymorphisms on fatty acid composition and carcass traits in Japanese Black cattle. Journal of Animal Science 89 (1): 12–22.
66. Metin Kiyici J., Akyüz B., Kaliber M., Arslan K., Aksel E.G., Çinar M.U. (2020). LEP and *SCD* polymorphisms are associated with milk somatic cell count, electrical conductivity, and pH values in Holstein cows. Animal Biotechnology 31 (6): 498–503. doi:10.1080/10495398.2019.1628767
67. Milanesi E., Nicoloso L., Crepaldi P. (2008). Stearoyl CoA desaturase (*SCD*) gene polymorphisms in Italian cattle breeds. Journal of Animal Breeding and Genetics 125 (1): 63–67.
68. Morris C.A., Cullen N.G., Glass B.C., Hyndman D.L., Manley T.R., Hickey S.M., McEwan J.C., Pitchford W.S., Bottema C.D.K., Lee M.A.H. (2007). Fatty acid synthase effects bovine adipose fat and milk fat. Mammalian Genome 18 (1): 64–74.

69. Mozaffarian D., Ascherio A., Hu F.B., Stampfer M.J., Willett W.C., Siscovick D.S., Rimm E.B. (2005). Interplay between different polyunsaturated fatty acids and risk of coronary heart disease in men. Circulation 111 (2): 157–16
70. Mozaffarian D., Micha R., Wallace S. (2010). Effects on coronary heart disease of increasing polyunsaturated fat in place of saturated fat: a systematic review and meta-analysis of randomized controlled trials. PLoS Medicine 7, e1000252.
71. Mwangi F.W., Pewan S.B., Otto J.R., Adegboye O.A., Charmley E., Gardiner C.P., Malau-Aduli B.S., Kinobe R.T., Malau-Aduli A.E.O. (2022). Single Nucleotide Polymorphisms in the Fatty Acid Binding Protein 4, Fatty Acid Synthase and Stearoyl-CoA Desaturase Genes Influence Carcass Characteristics of Tropical Crossbred Beef Steers. Agriculture 12 (8): 1171. doi:10.3390/agriculture12081171
72. Müeller H., Jordal O., Seljeflot I., Kierulf P., Kirkhus B., Ledsaak O., € Pedersen J.I. (1998). Effect on plasma lipids and lipoproteins of replacing partially hydrogenated fish oil with vegetable fat in margarine. British Journal of Nutrition 80 (3) :243–251.
73. Nafikov R.A., Schoonmaker J.P., Korn K.T., Noack K., Garrick D.J., Koehler K.J., Minick-Bormann J., Reecy J.M., Spurlock D.E., Beitz D.C. (2013). Sterol regulatory element binding transcription factor 1 (SREBF1) polymorphism and milk fatty acid composition. Journal of Dairy Science 96: 2605–2616.
74. Nagy K., Tiuca I.D. (2017). Importance of fatty acids in physiopathology of human vody. In: Catala A, editor. Fatty acids. London: Intech Open Science; p. 3–22.
75. Narukami T., Sasazaki S., Oyama K., Nogi T., Taniguchi M., Mannen H. (2011). Effect of DNA polymorphisms related to fatty acid composition in adipose tissue of Holstein cattle. Animal Science Journal 82 (3): 406–411.
76. Ntambi J.M. (2013). Stearoyl-CoA desaturase-1Is a biological regulator of energy homeostasis. In: Ntambi JM, editor. Stearoyl-CoA desaturase genes in lipid metabolism. Medison (WI): Springer-Verlag New York; p. 27–37.
77. Oh D., Lee Y., La B., Yeo J., Chung E., Kim Y., Lee C. (2012). Fatty acid composition of beef is associated with exonic nucleotide variants of the gene encoding *FASN*. Molecular Biology Reports 39(4): 4083-4090.
78. Oh D.Y., Lee Y.S., Yeo J.S. (2011). Identification of the SNP (single necleotide polymorphism) of the stearoyl-CoA desaturase (*SCD*) associated with unsaturated fatty acid in Hanwoo (Korean cattle). Asian-Australasian Journal of Animal Science 24 (6): 757–765. doi:10.5713/ajas.2011.10410
79. Ohsaki H., Sawa T., Sasazaki S., Kano K., Taniguchi M., Mukai F., Mannen H. (2007). Stearoyl-CoA desaturase mRNA expression during bovine adipocyte differentiation in primary culture derived from Japanese Black and Holstein cattle. Comparative

Biochemistry and Physiology Part A: A molecular and Integrative Physiology 148 (3): 629–634.

80. Oprządek J., Fliskowski K., Zwierzchowski L., Juszczuk-Kubiak E., Rosochacki S., Dymnicki E. (2005). Associations between polymorphism of some candidate genes and growth rates, feed intake and utilisation, slau*GH*ter indicators and meet quality in cattle. Archiv fur Tierzuch 48: 81–87.
81. Papaleo Mazzucco J., Goszczynski D.E., Ripoli M. V., Melucci L.M., Pardo A.M., Colatto E., Rogberg-Muñoz A., Mezzadra C.A., Depetris G.J., Giovambattista G., Villarreal E.L. (2016). Growth, carcass and meat quality traits in beef from Angus, Hereford and cross-breed grazing steers, and their association with SNPs in genes related to fat deposition metabolism. Meat Science 114: 121–129. doi:10.1016/j.meatsci.2015.12.018
82. Park S.J., Beak S.H., Jung D.J.S., Kim S.Y., Jeong I.H., Piao M.Y., Kang H.J., Fassah D.M., Na S.W., Yoo S.P., Baik M. (2018). Genetic, management, and nutritional factors affecting intramuscular fat deposition in beef cattle - A review. Asian-Australas Journal of Animal Science 31 (7): 1043–1061.
83. Pećina M., Ivanković A., Držaić V., Konjačić M., Ramljak J., Kelava Ugarković N. (2019). The effect of *GH*R gene polymorphism on growth and carcass quality of heifers. Zbornik radova 54. Hrvatskog i 14. međunarodnog simpozija agronoma, Sveučilište u Zagrebu Agronomski fakultet, 17.-22.02.2019., Vodice, Hrvatska, str. 496-500.
84. Pethick D.W., Hocquette J.F., Scollan N.D., Dunshea F.R. (2021). Review: Improving the nutritional, sensory and market value of meat products from sheep and cattle. Animal 15: 100356. doi:10.1016/j.animal.2021.100356
85. Pietinen P., Ascherio A., Korhonen P., Hartman A.M., Willett W.C., Albanes D., Virtamo J. (1997). Intake of fatty acids and risk of coronary heart disease in a cohort of Finnish men. The Alpha-Tocopherol, Beta-Carotene Cancer Prevention Study. American Journal of Epidemiology 145: 876–887.
86. Pitchford W.S., Deland M., Siebert B., Malau-Aduliand A., Bottema C.D.K. (2002). Genetic variation in fatness and fatty acid composition of crossbred cattle. Journal of Animal Science 80: 2825–2832.
87. Ponnampalam E.N., Sinclair A.J., Holman B.W.B. (2021). The sources, synthesis and biological actions of omega-3 and omega-6 fatty acids in red meat: An overview. Foods 10 (6): 1–20. doi:10.3390/foods10061358
88. Prado J.M., Prado I.N., Visentainer J.V., Rotta P.P., Perotto D., Moletta J.L., Prado I.M., Ducatti T. (2009). The effect of breed on the chemical composition and fatty acid profile of the Longissimus dorsi muscle of Brazilian beef cattle. Journal of Animal Feed Science 18 (2): 231–240.

89. Putra D.E., Sumadi, Kanazawa T., Hartatik T. (2016). Short communication: Identification of growth hormone gene polymorphism for beef cattle in Pesisir Selatan District, West Sumatra, Indonesia. Biodiversitas 17 (2): 711–715. doi:10.13057/biodiv/d170246
90. Raes K., Haak L., Balcaen A., Claeys E., Demeyer D., De Smet S. (2004). Effect of linseed feeding at similar linoleic acid levels on the fatty acid composition of double-muscled Belgian Blue young bulls. Meat Science 66 (2): 307–315.
91. Raza S.H.A., Gui L., Khan R., Schreurs N.M., Xiaoyu W., Wu S., Mei C., Wang L., Ma X., Wei D., Guo H., Zhang S., Wang X., Kaleri H.A., Zan L. (2018). Association between *FASN* gene polymorphisms ultrasound carcass traits and intramuscular fat in Qinchuan cattle. Gene 645 (December 2017): 55–59. doi:10.1016/j.gene.2017.12.034
92. Raza S.H.A., Khan S., Amjadi M., Abdelnour S.A., Ohran H., Alanazi K.M., Abd El-Hack M.E., Taha A.E., Khan R., Gong C., Schreurs N.M. (2020). Genome-wide association studies reveal novel loci associated with carcass and body measures in beef cattle. Archives of Biochemistry and Biophysics 694:108543.
93. Rhee K.S. (1992). Fatty acids in meat and meat products. In: Chow CK (ed) Fatty acids in foods and their health implications. Marcel Dekker, New York, pp 65–93
94. Ribeca C., Bonfanti V., Cecchianto A., Albera A., Gallo L., Carnier P. (2014). Effect of polymoprhisms in candidate genes on carcass and meat quality traits in double muscled Piemontese cattle. Meat science 96 (3): 1376-1383.
95. Roy R., Taourit S., Zaragoza P., Eggen A., Rodellar C. (2005). Genomic structure and alternative transcript of bovine fatty acid synthase gene (*FASN*): comparative analysis of the *FASN* gene between monogastric and ruminant species. Cytogenetic and Genome Research 111 (1): 65–67.
96. Schennink A., Heck J.M., Bovenhuis H., Visker M.H., van Valenberg H.J., van Arendonk J.A. (2008). Milk fatty acid unsaturation: genetic parameters and effects of stearoyl-CoA desaturase (*SCD*1) and acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1). Journal of Dairy Science 9: 2135–2143.
97. Schlee P., Graml R., Rottmann O., Pirchner F. (1994). Influence of growth-hormone genotypes on breeding values of Simmental bulls. Journal of Animal Breed and Genetics 111 (1–6): 253–256.
98. Scollan N., Hocquett, J.-F., Nuernberg K., Dannenberger D., Richardson I., Moloney A. (2006). Innovations in beef production systems that enhance the nutritional and health value of beef lipids and their relationship with meat quality. Meat Science 74: 17–33.
99. Scollan N.D., Dannenberger D., Nuernberg K., Richardson I., MacKintosh S., Hocquette J.F., Moloney A.P. (2014). Enhancing the nutritional and health value of beef lipids and their relationship with meat quality. Meat Science 97 (3): 384-394. doi:10.1016/j.meatsci.2014.02.015

100. Scollan N.D., Price E.M., Morgan S.A., Huws S.A., Shingfield K.J. (2017). Can we improve the nutritional quality of meat? Proccedings of the Nutrtion Society 76 (4): 603–618. doi:10.1017/S0029665117001112
101. Sedykh T.A., Dolmatova I.Y., Valitov F.R., Gizatullin R.S., Kalashnikova L.A. (2020a). The influence of growth hormone gene polymorphism on growth rate of young cattle. Iranian Journal of Applied Animal Science 10 (3): 445–451
102. Sedykh T.A., Gizatullin R.S., Dolmatova I.Y., Gusev I. V., Kalashnikova L.A. (2020b). Growth Hormone Gene Polymorphism in Relation to Beef Cattle Carcass Quality. Russian Agricultural Sciences 46 (3): 289–294. doi:10.3103/s1068367420030167
103. Silveira L.G.G., Furlan L.R., Curi R.A., Ferraz A.L.J., de Alencar M.M., Regitano L.C.A., Martins C.L., de Beni Arrigoni M., Suguisawa L., Silveira A.C. (2008). Growth hormone 1 gene (*GH*1) polymorphisms as possible markers of the production potential of beef cattle using the Brazilian Canchim breed as a model. Genetics and Molecular Biology 31 (4): 874–879.
104. Simopoulos A.P. (2004). Omega-6/omega-3 essential fatty acid ratio and chronic diseases. Food Reviews International 20: 77–90.
105. Slover H.T., Thompson R.H., Merola G. V. (1993). Determination of tocopherols and sterols by capillary gas chromatography. Journal of the American Oil Chemists' Society 60 (8): 1524–1528. doi:10.1007/BF02666576
106. Smith S.B., Gill C.A., Lunt D.K., Brooks M.A. (2009). Regulation of Fat and Fatty Acid Composition in Beef Cattle. Asian-Australian Journal of Animal Science 22(9): 1125-1233.
107. Smith S.B., Lunt D.K., Chung K.Y., Choi C.B., Tume R.K., Zembayashi M. (2006). Adiposity, fatty acid composition, and delta-9 desaturase activity during growth in beef cattle. Animal Science Journal 77: 478–486.
108. Sørensen P, Grochowska R, Holm L, Henryon M, Løvendahl P. (2002). Polymorphism in the bovine growth hormone gene affects endocrine release in dairy calves. Journal of Dairy Science. 85(7):1887–1893.
109. Sugita H., Ardiyanti A., Yokota S., Yonekura S., Hirayama T., Shoji N., Yamauchi E., Suzuki K., Katoh K., Roh S.G. (2014). Effect of single nucleotide polymorphisms in *GH* gene promoter region on carcass traits and intramuscular fatty acid compositions in Japanese Black cattle. Livestock Science 165 (1): 15–21. doi:10.1016/j.livsci.2014.04.026
110. Taniguchi M., Utsugi T., Oyama K., Mannen H., Kobayashi M., Tanabe Y., Ogino A., Tsuji S. (2004). Genotype of stearoylCoA desaturase is associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle. Mammalian Genome 15(2):142–148.
111. Tellam R.L., Lemay D.G., Van Tassell C.P., Lewin H.A., Worley K.C., Elsik C.G. (2009). Unlocking the bovine genome. BMC Genomics. 10:193.

112. Tormási J., Abrankó L. (2021). Assessment of fatty acid-specific lipolysis by in vitro digestion and gc-fid. Nutrients 13 (11). doi:10.3390/nu13113889
113. Trakovická A., Moravčiková N., Nádasky R., Kasarda R. (2018). Polymorphisms in candidate genes for beef quality in Pinzgu cattle. Agrofor 3 (1). doi:10.7251/AGRENG1801005T
114. USDA U.S. Department of Agriculture (US). 1989. FoodData central, (US).
115. Usman M.T., Tanko A.S., Alhassan A.J. (2015). Effects of water soaking on the nutritional compositions of beef in Nigeria: a review. International Joural of Chemical and Biochemical Science (3):129–133.
116. Vahmani P., Mapiye C., Prieto N., Rolland D.C., McAllister T.A., Aalhus J.L., Dugan M.E.R. (2015). The scope for manipulating the polyunsaturated fatty acid content of beef: a review. Journal of Animal Science and Biotechnolgy 6 (1): 1–13.
117. Wall R., Ross R.P., Fitzgeral, G.F., Stanton, C. (2010). Fatty acids from fish: the anti-inflammatory potential of long-chain omega-3 fatty acids. Nutrion Reviews 68: 280–289.
118. Wang Z., Zhu B., Niu H., Zhang W., Xu L., Xu L., Chen Y., Zhang L., Gao X., Gao H. (2019). Genome wide association study identifies SNPs associated with fatty acid composition in Chinese Wagyu cattle. Journal of Animal Science and Biotechnolgy 10 (1): 1–13.
119. Warriss P.D. (2000). Meat science. An introductory text. CABI Publishing, Oxon
120. WHO (2022). World Health Organization. Baza podataka. Poljoprivreda, šumarstvo i ribarstvo. European Commission. (Preuzeto s: https://www.who.int/).
121. Willett W.C., Stampfer M.J., Manson J.E., Colditz G.A., Speize, F.E., Rosner B.A., Sampson L.A., Hennekens C.H. (1993). Intake of trans fatty acids and risk of coronary heart disease among women. Lancet 341: 581–585.
122. Williams C.M. (2000). Dietary fatty acids and human health. Annales de Zootechnie 49: 165–180.
123. Williams C.M., Burdge G. (2006). Long-chain n-3 PUFA: plant v. marine sources, Proceedings of Nutrition Society 65: 42–50.
124. Williamson C.S., Foster R.K., Stanner S.A., Buttriss J.L. (2006). Read meat in the diet. Nutrition Bulletin, 30: 323-355.
125. Wood J.D., Enser M., Fisher A.V., Nute G.R., Sheard P.R., Richardson R.I., Hu*GH*es S.I. and Whittington, F.M. (2008b). Fat deposition, fatty acid composition and meat quality: a review. Meat Science 78: 343–358.
126. Wood J.D., Enser M., Richardson R.I., Whittington F.M. (2008a). Fatty acids in meat products. In: Chow CK (ed) Fatty acids in foods and their health implications. CRC Press/Taylor and Francis Group, Boca Raton, pp 87–107

127. Wood J.D., Richardson R.I., Nute G.R., Fisher A.V., Campo M.M., Kasapidou E., Sheard P.R., Enser, M. (2004). Effects of fatty acids on meat quality: a review. Meat Science 66: 21–32.
128. Woollett L.A, Spady D.K, Dietschy J.M. (1992). Saturated and unsaturated fatty acids independently regulate low density lipoprotein receptor activity and production rate. Journal of Lipid Research 33 (1): 77–88.
129. Wu X.X., Yang Z.P., Shi X.K., Li J.Y., Ji D.J., Mao Y.J., Chang L.L., Gao H.J. (2012). Association of *SCD*1 and DGAT1 SNPs with the intramuscular fat traits in Chinese Simmental cattle and their distribution in ei*GH*t Chinese cattle breeds. Molecular Biology Reports 39 (2): 1065–1071. doi:10.1007/s11033-011-0832-0
130. Wyness L. (2016). The role of red meat in the diet: Nutrition and health benefits. Proceedings in Nutrition Society 75 (3): 227–232. doi:10.1017/S0029665115004267
131. Yeon S.H., Lee S.H., Choi B.H., Lee H.J., Jang G.W., Lee K.T., Kim K.H., Lee J.H., Chung H.Y. (2013). Genetic variation of *FASN* is associated with fatty acid composition of Hanwoo. Meat Science 94 (1): 133–138.
132. Zembayashi M., Lunt D.K. (1995). Distribution of intramuscular lipid throu*GH*out M. longissimus thoracis et lumborum in Japanese Black, Japanese Shorthorn, Holstein and Japanese Black crossbreds. Meat Science 40 (2): 211–216. doi:10.1016/0309-1740(94)00046-A
133. Zhang S. (2008a). Genetic regulation of the healthfulness of beef fatty acid composition [dissertation]. Ames (IA): Iowa State University.
134. Zhang S., Knight T.J., Reecy J.M., Beitz D.C. (2008b). DNA polymorphisms in bovine fatty acid synthase are associated with beef fatty acid composition. Animal Genetics 39 (1): 62–70. http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01681.x.
135. Zhu B., Niu H., Zhang W., Wang Z., Liang Y., Guan L., Guo P., Chen Y., Zhang L., Guo Y. (2017). Genome wide association study and genomic prediction for fatty acid composition in Chinese Simmental beef cattle using high density SNP array. BMC Genomics. 18 (1): 1–15.

8. ŽIVOTOPIS

Mateja Pećina rođena je 06.03.1989. godine u Zagrebu gdje završava osnovnu i srednju školu (Zdravstveno učilište). Stručni prijediplomski studij prehrambene tehnologije usmjerenja prerade mlijeka završava 2015. godine u Veleučilištu u Karlovcu. Diplomski studij Proizvodnja i prerada mesa završava 2017. godine s pohvalom *cum laude* na Sveučilištu u Zagrebu Agronomski fakultet te Dekanovom nagradom za istraživački projekt.

Zapošljava se na Sveučilištu u Zagrebu Agronomski fakultet na Zavodu za mikrobiologiju kao stručni suradnik od veljače 2016. godine, do veljače 2017. godine, te od svibnja 2017. godine radi kao asistent na Zavodu za specijalno stočarstvo. Od prosinca 2017. studentica je doktorskog studija Poljoprivredne znanosti Sveučilišta u Zagrebu Agronomskog fakulteta. Odlukom Fakultetskog vijeća (10. srpnja 2018.) i Senata Sveučilišta u Zagrebu (13. studeni 2018.) prihvaćena joj je tema doktorskog rada pod nazivom „Utjecaj polimorfizma *FASN, SCD* i *GH* gena sa sadržajem masti i masnih kiselina u mesu junadi“.

Kao asistent uključena je u izravnu nastavu sa studentima. Na Sveučilištu u Zagrebu Agronomskog fakulteta suradnica je u nastavi na predmetima na preddiplomskim i diplomskim razinama studija. Predmeti na kojima je suradnica su: Uzgoj i korištenje goveda, te Senzorska analiza mesa i mesnih proizvoda. Članica je Fakultetskog vijeća i Vijeća biotehničkog područja od 2021./2022. akademske godine.

Kao korisnica ERASMUS stipendije znanstveno i stručno se usavršavala na University of Padova (Italija, 2019., 2022.), Swedish University of Agricultural Sciences (Švedska, 2022) i na University of Bologna (Italija, 2022.) te uspostavila suradnju s inozemnim istraživačima i profesorima. Sudjeluje na radionicama i ljetnim školama u Italiji i Švedskoj od koje ističe „Summer school on Measuring Sensory Preferences of Consumers“. Izlaže na domaćim i inozemnim konferencijama (primjerice Ingr's Days, DAGENE, Simpozij Agronoma), te je bila pozvana kao gost predavač na Konferenciji o kvaliteti i sigurnosti hrane u Brno, Češka 2023. godine.

Članica je Hrvatske mljekarske udruge, te trenutno suradnik na jednom znanstvenom i na jednom razvojnom projektu.

Znanstveni interes usmjeren je na područje uporabe molekularne genetike u animalnoj proizvodnji, razvoja molekularnih metoda u istraživanju, s naglaskom na utjecaj polimorfizma gena na kvantitativna svojstva domaćih životinja, ali i senzorne analize animalnih proizvoda.

Popis radova

1. **Pećina, M.**, Konjačuć, M., Kelava Ugarković, N., Ivanković, A. (2023). Effect of *FASN*, *SCD*, and *GH* Genes on Carcass Fatness and Fatty Acid Composition of Intermuscular Lipids in F1 Holstein x Beef Breeds. Agriculture, 13, 1-14.
2. Kos, I., **Pećina, M.,** Bendelja Ljoljić, D., Dolenčić Špehar, I., Tudor Kalit, M., Vnučec, I., Bedeković, D., Kiš, G., Maturanec, H. (2023). Physical and sensory properties of burgers affected by different dry ageing time of beef neck. Meso: prvi hrvatski časopis o mesu, 25 (1): 34-43.
3. Ivanković, A., **Pećina, M.,** Konjačić, M., Ramljak, J., Kelava Ugarković, N., Ivkić, Z. (2022). Evaluation of the conversation status of the Slavonian-Syrmian Podolian cattle based on pedigree data. Danubian Animal Genetic Resources, 7: 22-27.
4. Ivanković, A., Bittante, G., Šubara, G., Šuran, E., Ivkić, Z., **Pećina, M.**, Konjačić, M., Kos, I., Kelava Ugarković, N., Ramljak, J. (2022). Genetic and Population Structure of Croatian Local Donkey Breeds. Diversity, 14 (5): 1-20.
5. Škorput, D., Kaić, A., **Pećina, M.,** Kelava Ugarković, N., Cvetić, P., Luković, Z. (2022). Ponašanje krmača i prasadi u različitim sustavima prasenja. Zbornik radova 57. Hrvatski i 17. Međunarodni simpozij agronoma. Majić, Ivana; Antunović, Zvonko (ur.) Osijek: Fakultet agrobiotehničkih znanosti Osijek Sveučilišta Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, 265-266.
6. **Pećina, M.**, Ivanković, A. (2021). Candidate genes and fatty acids in beef meat, a review. Italian journal of animal science, 20: 1716-1729.
7. Ivanković, A., Bittante, G., Konjačić, M., Kelava Ugarković, N., **Pećina, M.**, Ramljak, J. (2021). Evaluation of the Conservation Status of the Croatian Posavina Horse Breed Based on Pedigree and Microsatellite Dana. Animals, 11 (7): 1-16.
8. Ivanković, A., **Pećina, M.**, Ramljak, J., Pašić, V. (2021). Genetic polymorphism and effect on milk production of CSN2 gene in conventional and local cattle breeds in Croatia. Mljekarstvo, 71 (1): 3-12.
9. Kamber, A., Kelava Ugarković, N., Prpić, Z., **Pećina, M.**, Konjačić, M. (2021). Ekološki uzgoj goveda sustavom krava-tele u Hrvatskoj. Zbornik radova 56. Hrvatski i 16. Međunarodni simpozij agronoma. Osijek: Fakultet agrobiotehničkih znanosti Osijek Sveučilišta Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, 605-609.
10. **Pećina, M.**, Ivanković, A., Držaić, V., Konjačić, M., Ramljak, J., Kelava Ugarković, N. (2019). Učinak polimorfizma *GH*R gena na rast i kvalitetu trupova junica. Zbornik sažetaka 54. Hrvatskog i 14. Međunarodnog simpozija agronoma. (ur.) Mioč, B.; Širić, I. Zagreb: Sveučilište u Zagrebu Agronomski fakultet, 496-500.

11. Ivanković, A., **Pećina, M.**, Šubara, G., Šuran, E., Konjačić, M., Kelava Ugarković, N., Ramljak, J. (2019). Growth and carcass performace of Istrian bulls. Proceedings of The International Symposium on Animal Science (ISAS) (ur.) Perić, L. Novi Sad: University of Novi Sad, Faculty of Agriculture, 250-255.
12. **Pećina, M.**, Luković, Z., Škorput, D., Bolčić, M., Salajpal, K., Karolyi, D. (2018). Relationship between intramuscular fat content and fatty acid composition of pork. Journal of central European Agriculture, 19 (4): 840-845.
13. Maksimović Žgomba, A., Mrkonjić Fuka, M., Hulak, N., Bačić, M., **Pećina, M.** (2018). The efficiency of indigenous Lb. Sakei genotypes as functional starter cultures for the production of artisan game meat sausages. 9th International Congress of Food Technologist, Biotechnologists and Nutritionists. Kovačević Ganić, K; Dragović-Uzelac, V.; Balbino, S. (ur.) Zagreb: MGM Studio Novel, 69-69.
14. Ramljak, J., Ivanković, A., Držaić, V., **Pećina, M.**, Špehar, M., Konjačić, M. (2018). Genetic diversity determined by Microsatelllites and Single Nucleotide Polymorphism Markers: case stuy of two native cattle breeds. Proceedings of 29th Annual Meeting of DAGENE: Danubian Animal Genetic Resources. (ur.) Gaspard, A. Budapest, Hungary: DAGENE - International Association for the Coservation of Animal breeds in the Danube Region, 19-25.
15. Kos, I., Bedeković, D., Širić, I., Vnučec, I., **Pećina, M.**, Glumpak, A., Carović Stanko, K. (2017). Technological characterization and consumer perception of dry fermented game sausages with bay leaf (Laurus nobilis L.) essential oil. Journal of central European Agriculture, 18 (4): 794-805.

Popis radova iz Hrvatske znanstvene bibliografije (CROSBI)

https://www.bib.irb.hr/pregled/profil/34240

9. PRILOZI

Prilog 1. Geni povezani sa sastavom masnih kiselina (Hirway i sur. 2011; Jeong i sur. 2012; Barton i sur. 2016)

Funkcija	Lokacija	Simbol	Ime
Metabolički proces	BTA 1	*ADIPOQ*	Adiponectin, C1Q and Collagen Domain Containing
	BTA 2	*FABP3*	Fatty Acid Binding Protein 3
	BTA 5	*PPARA*	Peroxisome Proliferator Activated Receptor Alpha
	BTA 6	*SCD5*	Stearoyl-CoA desaturase 5
	BTA 7	*CD74*	CD74 Molecule
	BTA 8	*LPL*	Lipoprotein lipase
	BTA 11	*PTGS1*	Prostanglandin-Endoperoxide Synthase 1
	BTA 13	*PTPLA (HACD1)*	Protein tyrosine phosphatase-like, member A variant 4
	BTA 15	*ACAT1*	Acetyl-CoA acetyltransferase 1
		UCP3	Uncoupling Protein 3
	BTA 22	*ACOX2*	Acyl-CoA Oxidase 2
	BTA 23	*TNXB*	Tenascin XB
		PPARD	Peroxisome Proliferator Activated Receptor Delta
	BTA 25	*ACSM1*	Acyl-CoA Synthetase Medium Chain Family Member 1
	BTA 26	*GPAM*	Gylcerol-3-Phosphate Actyltransferase
Oksidacija	BTA 3	*MCAD*	Medium-chain acyl-CoA dehydrogenase
	BTA 5	*CPT1B*	Carnitine palmitoyl transferase 1B
	BTA 19	*VLCAD*	Very-long-chain acyl-CoA dehydrogenase
Transport	BTA 4	*CD36*	Fatty acid translocase
	BTA 5	*SLC16A7*	Solute Carrier Family 16 Member 7
	BTA 7	*FATP1*	Fatty acid transporter protein 1
	BTA 11	*SLC1A4*	Solute Carrier Family 1 Member 4
Esterifikacija	BTA 14	*DGAT1*	Diacylglycerol acyltransferase 1
	BTA 15	*DGAT2*	Diacylglycerol acyltransferase 2
	BTA 23	*AGPAT1*	Acylglycerol phosphate acyltransferase 1
	BTA 26	*GPAT1*	Glycerol-3-phosphate acyltransferase 1

Prilog 1. *Nastavak tablice*

Funkcija	Lokacija	*Simbol*	Ime
Metabolisam	BTA 11	*PTGS1*	Prostanglandin-Endoperoxide Synthase 1
	BTA 15	*ACAT1*	Acetyl-CoA acetyltransferase 1
	BTA 23	*TNXB*	Tenascin XB
	BTA 26	*SCD*	Stearoyl-CoA desaturase (Δ-9-desaturase)
Sinteza	BTA 13	*ACSS1*	Acyl-CoA Synthetase Short Chain Family Member 1
	BTA 25	*ACSM3*	Acyl-CoA Synthetase Medium Chain Family Member 3
Vezivanje	BTA 1	*PLOD2*	Procollagen-Lysine,2-Oxoglutarate 5-Dioxygenase 2
	BTA 2	*FABP3*	Fatty acid binding protein 3
	BTA 4	*FABP4*	Fatty acid binding protein 4
	BTA 9	*FABP7*	Fatty acid binding protein 7
Metabolički proces	BTA 2	*PAFAH2*	Platelet Activating Factor Acetylhydrolase 2
	BTA 18	*LIPE*	Lipase E
Nakupljanje masti	BTA 8	*LDL*	Lipoprotein lipase
	BTA 15	*DGAT2*	Diacylglycerol acyltransferase 2
	BTA 19	*ACACA*	Acetyl-coenzyme A carboxylase alpha
		FASN	Fatty acid synthase
	BTA 26	*GPAM*	Glycerol-3-phosphate acyltransferase
Metabolizam	BTA 18	*HSL (LIPE)*	Hormone-sensitive lipase E
	BTA 19	*GH*	Growth hormone
	BTA 22	*MGLL*	Monoglyceride Lipase
	BTA 25	*ACSM3*	Acyl-CoA synthetase medium chain family member 3
	BTA 29	*ATGL (PNPLA2)*	Adipose triglyceride lipase
Transport	BTA 13	*LBP*	Lipopolysaccharide Binding Protein
	BTA 22	*MGLL*	Monoglyceride lipase
Lipoliza	BTA 8	*LPL*	Lipoprotein lipase
	BTA 18	*HSL (LIPE)*	Hormone-sensitive lipase E
	BTA 22	*MGL*	Monoglyceride Lipase
	BTA 29	*ATGL (PNPLA2)*	Adipose triglyceride lipase / patatin like phospholipase domain containing 2

Prilog 1. *Nastavak tablice*

Funkcija	Lokacija	*Simbol*	Ime
Mramoriranje	BTA 1	*FSTL1*	Follistatin like 1
	BTA 2	*IGFBP5*	Insulin like growth factor binding protein 5
		TTN	Titin
		NEB	Nebulin
	BTA 3	*RORC*	RAR related orphan receptor C
	BTA 4	*LEP*	Leptin
	BTA 7	*CAST*	Calpastatin
	BTA 8	*ANXA1*	Annexin A1
	BTA 14	*DGAT1*	Diacylglycerol acyltransferase 1
		TG	Thyroglobulin
		FABP4	Fatty acid Binding Protein 4
		CRH	Corticotropin releasing hormone
	BTA 25	*ALDOA*	Aldolase A, fructose-biphosphate
	BTA 26	*SCD*	Stearoyl-CoA desaturase
Provođenje	BTA 7	*FATP1 (SLC27A1)*	Fatty acid transport protein 1/ solute carrier family 27 member
	BTA 19	*ACACA*	Acetyl-CoA carboxylase alpha
		FASN	Fatty acid synthase
Lipogeneza	BTA 4	*LEP*	Leptin
	BTA 26	*SCD*	Stearoyl-CoA desaturase
Intramuskularna mast	BTA 1	*ADIPOQ*	Adiponectin, C1Q and collagen domain containing

Prilog 2. Popis masnih kiselina (*struktura, formula, kemijsko ime, trivijalno ime, tip*)

Struktura	Formula	Kemijsko ime	Trivijalno ime	Tip
C 1:0	HCOOH	Metanska	Mravlja	SFA
C 2:0	CH_3COOH	Etanska	Octena	SFA
C 3:0	CH_3CH_2COOH	Propanska	Pripionska	SFA
C 4:0	$CH_3(CH_2)_2COOH$	Butanska	Maslačna	SFA
C 5:0	$CH_3(CH_2)_3COOH$	Pentanska	Valerijanska	SFA
C 6:0	$CH_3(CH_2)_4COOH$	Heksanska	Kapronska	SFA
C 7:0	$CH_3(CH_2)_5COOH$	Heptanska	Enantska	SFA
C 8:0	$CH_3(CH_2)_6COOH$	Oktanska	Kaprilna	SFA
C 9:0	$CH_3(CH_2)_7COOH$	Nonanska	Pelargonska	SFA
C 10:0	$CH_3(CH_2)_8COOH$	Dekadska	Kaprinska	SFA
C 11:0	$CH_3(CH_2)_9COOH$	Undekanska	Undecilna	SFA
C 12:0	$CH_3(CH_2)_{10}COOH$	Dodekadska	Laurinska	SFA
C 13:0	$CH_3(CH_2)_{11}COOH$	Tridekanska	Tridecilna	SFA
C 14:0	$CH_3(CH_2)_{12}COOH$	Tetradekadska	Miristinska	SFA
C 14:1 cis-Δ9	$CH_3(CH_2)_3\mathbf{CH=CH}(CH_2)_7COOH$	c-9-tetradekenska	Miristoleinska	MUFA (omega-5)
C 15:0	$CH_3(CH_2)_{13}COOH$	Pentadekanska	Pentadecilna	SFA
C 16:0	$CH_3(CH_2)_{14}COOH$	Heksadekadska	Palmitinska	SFA
C 16:1 cis-Δ6	$CH_3(CH_2)_8\mathbf{CH=CH}(CH_2)_4COOH$	c-6-heksadecenska	Sapienska	MUFA
C 16:1 cis-Δ9	$CH_3(CH_2)_5\mathbf{CH=CH}(CH_2)_7COOH$	c-9-palmitoleinska	Palmitoleinska	MUFA (omega-7)
C 16:3 n3 (HTA)	$CH_3(CH2)_2\mathbf{CH=CH}CH_2\mathbf{CH=CH}CH_2\mathbf{CH=CH}(CH_2)_5COOH$	c-7,c-10,c-13-heksadekatrienska	Heksadekatrienska	PUFA (omega-3)
C 16:4 n3	$CH_3CH_2\mathbf{CH=CH}(CH_2)_2\mathbf{CH=CH}(CH_2)_2\mathbf{CH=CH}CH_2\mathbf{CH=CH}(CH_2)_2COOH$	c-4,c-7,c-10,c-13-heksadekatetraenska	Heksadekatetraenska	PUFA (omega-3)

Struktura	Formula	Kemijsko ime	Trivijalno ime	Tip
C 17:0	$CH_3(CH_2)_{15}COOH$	Heptadekandska	Margarna	SFA
C 17:1	$CH_3(CH_2)_9$**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	cis-10-heptadekanska	Margaroleinska	MUFA
C 18:0	$CH_3(CH_2)_{16}COOH$	Oktadekadska	Stearinska	SFA
C 18:1 cis-Δ9	$CH_3(CH_2)_7$**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	c-9-oktadekadska	Oleinska	MUFA (omega-9)
C 18:1 trans-Δ9	$CH_3(CH_2)_7$**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	t-9-oktadekadska	Elaidinska	MUFA (omega-9)
C 18:1 trans-Δ11	$CH_3(CH_2)_5$**CH=CH**$(CH_2)_9COOH$	t-11-oktadekenska	Vakcenska	MUFA (omega-7)
C 18:2 cis-9, trans 11 (CLA)	$CH_3(CH_2)_6$**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	c-9, t-11-oktadekadienska	Rumenska	PUFA (omega-7)
C 18:2 trans-10, cis-12 (CLA)	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH**=**CH**$(CH_2)_7COOH$	t-10, c-12 konjugirana lionleinska	Linoleinska	PUFA (omega-7)
C 18:2 n6 (LA)	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	c-9,c-12-oktadekadienska	Linolna	PUFA (omega-6)
C 18:2 n6 (TFA)	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	t-9, t-12-oktadekadienska	Linolelaidna	PUFA (omega-6)
C 18:3 n3 (ALA)	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	c-9,c-12,c-15-oktadekatrienska	α-Linolenska	PUFA (omega-3)
C 18:3 n6 (GLA)	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_4COOH$	c-6,c-9,c-12-oktadekatrienska	γ-Linolenska	PUFA (omega-6)
C 18:4 n3 (SDA)	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_4COOH$	c-6,c-9,c-12,c-15-oktadekatetraenska	Stearidonska	PUFA (omega-3)
C 19:0	$CH_3(CH_2)_{17}COOH$	Nondekanska	Nondecilna	SFA
C 19:1 n9	$CH_3(CH_2)_8$**CH=CH**$(CH_2)_8COOH$	10-nondecenska	Nondecenska	MUFA (omega-9)
C 20:0	$CH_3(CH_2)_{18}COOH$	Eikosanoidna	Arahidska	SFA
C 20:1 n7	$CH_3(CH_2)_5$**CH=CH**$(CH_2)_{11}COOH$	13-eikosanoidna	Paulinska	MUFA (omega-7)
C 20:1 n9	$CH_3(CH2)_7$**CH=CH**$(CH_2)_9COOH$	c-11-eikosenska	Gondoinska	MUFA (omega-9)
C 20:1 n11	$CH_3(CH_2)_9$**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	c-9-eikozenska	Gadolna	MUFA (omega-9)
C 20:2 n6	$CH_3(CH_2)_3$**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_9COOH$	c-11, c-14-eikozadeinska	Eikosadienska	PUFA (omega-6)
C 20:3 n3 (ETE)	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_9COOH$	c-11, c-14, c-17-eikozatrienska	Eikosatrienska	PUFA (omega-3)

Struktura	Formula	Kemijsko ime	Trivijalno ime	Tip
C 20:3 n6 (DGLA)	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_6COOH$	c-8, c-11, c-14-eikozatrienska	Eikosatrienska	PUFA (omega-6)
C 20:3 n9	$CH_3(CH_2)_7$**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_3COOH$	c-5, c-8, c-11-eikozatrienska	Meadova	PUFA (omega-9)
C 20:4 n3 (ETA)	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_6COOH$	c-8, c-11, c-14, c-17-eikozatetraenska	Eikozatetraenska	PUFA (omega-3)
C 20:4 n6 (AA)	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_3COOH$	c-5,c-8,c-11,c-14-eikozatetraenska	Arahidonska	PUFA (omega-6)
C 20:5 n3 (EPA)	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_3COOH$	c-5,c-8,c-11,c-14,c-17-eikozapentaenska	Eikosapentaenska	PUFA (omega-3)
C 21:0	$CH_3(CH_2)_{19}COOH$	Heneikozanoična	Heneikosilna	SFA
C 21:5 n3 (HPA)	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_4COOH$	c-6, c-9, c-12, c-15, c-18-heneikozapentanska	Heneikozapentaenska	PUFA (omega-3)
C 22:0	$CH_3(CH_2)_{20}COOH$	Dokosanoidna	Behenska	SFA
C 22:1 n9	$CH_3(CH_2)_7$**CH=CH**$(CH_2)_{11}COOH$	c-13-dokozanska	Eručna	MUFA (omega-9)
C 22:1 n11	$CH_3(CH_2)_9$**CH=CH**$(CH_2)_9COOH$	c-11-dokozenska	Cetoleinska	MUFA (omega-9)
C 22:2 n6	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_{11}COOH$	c-13, c-16-dokosadienska	Dokosadienska	PUFA (omega-6)
C 22:4 n6 (AdA)	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_5COOH$	c-7, c-10, c-13, c-16-dokozatetraenska	Dokosatetraenska	PUFA (omega-6)
C 22:5 n3 (DPA)	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_5COOH$	c-7,c-10,c-13,c-16,c-19-dokozapentaenska	Dokosapentaenska	PUFA (omega-3)
C 22:6 n3 (DHA)	CH_3CH_3**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_2COOH$	c-4,c-7,c-10,c-13,c-16,c-19-dokozaheksaenska	Dokosaheksaenska	PUFA (omega-3)
C 23:0	$CH_3(CH_2)_{21}COOH$	Trikosanoidna	Trikozilna	SFA
C 24:0	$CH_3(CH_2)_{22}COOH$	Tetrakosanoidna	Lignocerinska	SFA
C 24:1 n9	$CH_3(CH_2)_7$**CH=CH**$(CH_2)_{13}COOH$	c-15-tetrakozenska	Dokosaheksaenska (Nervonska)	MUFA (omega-9)
C 24:4 n6	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_7COOH$	c-9, c-12, c-15, c-18-tetrakozatetraenska	Tetrakozatetraenska	PUFA (omega-6)

Struktura	Formula	Kemijsko ime	Trivijalno ime	Tip
C 24:5 n3	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$CH_2CH_2CH_2(CH_2)_7COOH$	c-9, c-12, c-15, c-18 ,c-21-tetrakozapentaenska	Tetrakozapentaenska	PUFA (omega-3)
C 24:5 n6	$CH_3(CH_2)_4$**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$(CH_2)_4COOH$	c-6, c-9, c-12, c-15, c-18-tetrakozapentaenska	Tetrakozapentaenska	PUFA (omega-6)
C 24:6 n3	CH_3CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**CH_2**CH=CH**$CH_2(CH_2)_4COOH$	c-6, c-9, c-12, c-15, c-18, c-21-tetrakozaheksaenska	Nisinska	PUFA (omega-3)
C 25:0	$CH_3(CH_2)_{23}COOH$	Pentakozanska	Pentakozilna	SFA
C 26:0	$CH_3(CH_2)_{24}COOH$	Heksakozanska	Cerotinska	SFA
C 27:0	$CH_3(CH_2)_{25}COOH$	Heptakozanska	Karbocerinska	SFA
C 28:0	$CH_3(CH_2)_{26}COOH$	Oktakozanska	Montanska	SFA
C 29:0	$CH_3(CH_2)_{27}COOH$	Nonkozanska	Nonakozilna	SFA
C 30:0	$CH_3(CH_2)_{28}COOH$	Triakontanska	Melisinska	SFA
C 31:0	$CH_3(CH_2)_{29}COOH$	Hentriakontanska	Hentriakotilna	SFA
C 32:0	$CH_3(CH_2)_{30}COOH$	Dotriakontanska	Laceroična	SFA
C 33:0	$CH_3(CH_2)_{31}COOH$	Tritriakontanska	Psilinska	SFA
C 34:0	$CH_3(CH_2)_{32}COOH$	Tetratriakontanska	Gedinska	SFA
C 35:0	$CH_3(CH_2)_{33}COOH$	Pentatriakontanska	Ceroplastična	SFA
C 36:0	$CH_3(CH_2)_{34}COOH$	Heksatriakontanska	Heksatriakontilna	SFA
C 37:0	$CH_3(CH_2)_{35}COOH$	Heptatriakontanska	Heptatriakontilna	SFA
C 38:0	$CH_3(CH_2)_{36}COOH$	Oktatriakontanska	Oktatriakontilna	SFA
C 39:0	$CH_3(CH_2)_{37}COOH$	Nonatriakontanska	Nonatriakontilna	SFA
C 40:0	$CH_3(CH_2)_{38}COOH$	Tetrakontanska	Tetrakontilna	SFA